

**Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie-Arten (*Apium*
und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerkes
genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland
(GE-Sell)**

Abschlussbericht

Laufzeit: 01.03.2015 bis 30.11.2019

Zuwendungsempfänger und zusammenarbeitende Stellen:

Julius Kühn-Institut

Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

Förderkennzeichen: 2814BM110

Botanischer Garten der Universität Osnabrück

Förderkennzeichen: 2814BM111

Humboldt-Universität zu Berlin

Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und
Gartenbauwissenschaften

Förderkennzeichen: 2814BM112

Gemeinsam erstellt von den Zuwendungsempfängern



Das in diesem Bericht beschriebene Modell- und Demonstrationsvorhaben „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie-Arten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerkes genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland wurde gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Förderkennzeichen 2814BM110, 2814BM111 und 2814BM112.

Bönisch, M., Nachtigall, M., Bernhardt, N., Herden, T., Zander, M. Friesen, N., Frese, L., 2020: Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie-Arten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerkes genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland – Abschlussbericht. 89 S. + Anhänge

Projektgruppe

Leitung:

Dr. Lothar Frese¹ (01.03.2015 bis 30.06.2019) und Dr. Nadine Bernhardt¹ (01.07.2019 bis 30.11.2019)

Koordination:

Maria Bönisch¹

Mitarbeiter:

Dr. Nikolai Friesen²

Dr. Tobias Herden²

Dr. Inga Mewis³

Dr. Marion Nachtigall¹

Dr. Annette Naumann³

Prof. Dr. Dr. Christian Ulrichs³

Dr. Uta Schirmak¹

Prof. Dr. Sabine Zachgo²

Dr. Matthias Zander³

¹ Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

² Botanischer Garten der Universität Osnabrück, Albrechtsstr. 29, 49076 Osnabrück

³ Humboldt Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer - Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Unter den Linden 6, 10099 Berlin (Sitz: Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin)

Text:

Maria Bönisch, Marion Nachtigall, Nadine Bernhardt, Tobias Herden, Matthias Zander, Nikolai Friesen und Lothar Frese

Layout und Kartographie:

Maria Bönisch

Danksagung

Das GE-Sell-Vorhaben konnte erfolgreich durchgeführt werden, weil viele Personen mit ihrer Expertise und ihrem Engagement das Projekt voranbrachten. Wir möchten uns bei allen bedanken, die das Projekt unterstützten.

Insbesondere möchten wir uns für die hervorragende Zusammenarbeit und die vielfältigen Hilfestellungen bei den Auftragnehmern, den beteiligten Behörden, den beteiligten Naturschutzstationen und –vereinen sowie den engagierten Eigentümern und Bewirtschaftern bedanken. Deren Mithilfe hat maßgeblich zum Erfolg des Vorhabens beigetragen.

Bei Mitarbeitern des Projektträgers Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung möchten wir uns für die Unterstützung bei der Durchführung des Projektes und der Organisation der Treffen der projektbegleitenden Arbeitsgruppe bedanken, insbesondere auch für das Verständnis und die zahlreichen Ideen und fachlichen Hinweise.

Dem Referat 716 (Gartenbau, Landschaftsbau) des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft, dem Informations- und Koordinationszentrum für biologische Vielfalt bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung und weiteren Mitgliedern der projektbegleitenden Arbeitsgruppe möchten wir für die Beratung bei der Durchführung des Projektes und für die Unterstützung bei der Klärung des Einrichtungsprozesses für genetische Erhaltungsgebiete danken. Zur Klärung der Einrichtungsformalitäten trugen auch die Mitarbeiter des Justiziariats des JKI maßgeblich bei, wofür wir sehr dankbar sind.

Den für die Wildsellerie-Vorkommen zuständigen Naturschutzbehörden der Landkreise, Regierungsbezirke und Bundesländer möchten wir für die Erteilung der Genehmigungen zum Betreten der Schutzgebiete und zur Materialentnahme und für das damit entgegengebrachte Vertrauen danken.

Vom JKI sei den Mitarbeitern der Arbeitsgruppe Pflanzengenetische Ressourcen beim Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen sowie den Mitarbeitern des Versuchsfeldes, des technischen Dienstes und der zentralen Datenverarbeitung gedankt für die Unterstützung bei der Ausrichtung der Veranstaltungen, den mit dem Projekt verbundenen Arbeiten im Labor, Gewächshaus und Versuchsfeld sowie für die Unterstützung bei der Auswertung der genetischen Analysen.

Der Gemeinschaft der Förderer und Freunde des Julius Kühn-Instituts e. V. (GFF) möchten wir für die Übernahme der Kosten der Abschlussveranstaltung danken.

Inhalt

Inhalt.....	5
Abbildungsverzeichnis.....	7
Tabellenverzeichnis.....	9
Abkürzungen.....	10
1 Einleitung.....	11
1.1 Aufgabenstellung.....	11
1.2 Ziele des Vorhabens.....	12
1.3 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde.....	13
2 Konzept.....	14
3 Modellarten: Wildsellerie-Arten.....	17
3.1 <i>Apium graveolens</i>	18
3.2 <i>Helosciadium repens</i>	21
3.3 <i>Helosciadium nodiflorum</i>	24
3.4 <i>Helosciadium inundatum</i>	27
4 Untersuchungsgebiet.....	30
5 Methode.....	30
5.1 Methode zur Identifizierung von Vorkommen, die zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete geeignet sind, und Einrichtung von genetischen Erhaltungsgebieten.....	30
5.1.1 Beschaffung von Fundortdaten und Aufbau einer Inventarliste.....	31
5.1.2 Auswahl von Fundorten für Präsenzkontrollen.....	31
5.1.3 Präsenzkontrolle und Begutachtung von ausgewählten Fundorten.....	32
5.1.4 Bewertung von bestätigten Vorkommen und Auswahl von Vorkommen für weitere Untersuchungen.....	32
5.1.5 Entnahme von Blattmaterial für genetische Analysen und Erfassung weiterer Daten zum Vorkommen.....	33
5.1.6 Genetische Analysen zu Wildsellerie-Vorkommen.....	34
5.1.7 Auswahl von Vorkommen als Kandidaten für genetische Erhaltungsgebiete.....	36
5.1.8 Prozesse zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete und des Aufbaus eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete.....	37
5.1.9 Kommunikation zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete.....	37
5.1.10 Planung und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete.....	37
5.1.11 Monitoring genetischer Erhaltungsgebiete.....	38
5.1.12 Sammlung und Einlagerung von Ex-situ-Saatgutmustern und Zugang zur Ressource..	39
5.2 Datenmanagement.....	39
5.2.1 Aufbau und Implementierung einer webbasierten, raumbezogenen Datenbank.....	39
5.2.2 Einbindung der Daten in Datenbanken.....	39
6 Ergebnisse.....	40
6.1 Charakterisierung und Auswahl von Wildsellerie-Vorkommen, die für die Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete geeignet sind.....	40
6.1.1 Fundortdaten zu Wildsellerie-Vorkommen in Deutschland.....	40
6.1.2 Auswahl von Fundorten für Präsenzkontrollen.....	41
6.1.3 Vorbereitung der Präsenzkontrollen und Begutachtung.....	41

6.1.4	Präsenzkontrolle und Begutachtung von ausgewählten Fundorten.....	42
6.1.5	Bewertung und Auswahl bestätigter Vorkommen für genetische Analysen und für die Erfassung weiterer Daten.....	47
6.1.6	Entnahme von Blattmaterial für genetische Analysen und Erfassung weiterer Daten zum Vorkommen	47
6.1.7	Genetische Analysen zu Wildsellerie-Vorkommen	48
6.1.8	Auswahl von Vorkommen als Kandidaten für genetische Erhaltungsgebiete	57
6.2	Einrichtung und Betrieb genetischer Erhaltungsgebiete	58
6.2.1	Prozesse der Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete und des Aufbaus eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete	58
6.2.2	Kommunikation zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete.....	63
6.2.3	Planung genetischer Erhaltungsgebiete.....	67
6.2.4	Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete	70
6.2.5	Monitoring und Management genetischer Erhaltungsgebiete.....	73
6.2.6	Sammlung, Einlagerung und Bereitstellung von Ex-situ-Saatgutmustern.....	75
6.3	Datenmanagement.....	76
6.3.1	Aufbau und Implementierung einer webbasierten, raumbezogenen Datenbank.....	76
6.3.2	Einbindung der Daten in Datenbanken	78
7	Diskussion.....	78
8	Über das Projekt hinaus gewonnene Erkenntnisse.....	82
9	Sich anschließende weitere Vorhaben	82
10	Ausblick.....	83
11	Zusammenfassung.....	83
12	Literaturverzeichnis.....	84

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Planungs- und Umsetzungsschritte für die Auswahl und Ausweisung von GenEG (Frese et al., 2018a).....	16
Abb. 2: Modell eines genetischen Erhaltungsgebiets in Anlehnung an Hawkes et al. (1997). Dargestellt sind die Wuchsfelder der Zielart, die Migrationsfelder, die aus zur Besiedelung durch die Zielart geeigneten angrenzenden Feldern bestehen, und die Übergangsfelder, welche sich aus nahen Feldern mit geeigneten Biotoptypen innerhalb der Ausbreitungsdistanz und den ungeeigneten Bereichen dazwischen zusammensetzt (modifiziert nach Frese et al., 2018a, 2017a).....	17
Abb. 3: <i>Apium graveolens</i> im Röhricht an der Ostseeküste (links, Foto: H. Ringel) und an einer Salzquelle (rechts, Foto: M. Bönisch) wachsend	18
Abb. 4: Aufgrund von Kali-Abraumhalden Salzwasser führender Bach mit <i>Apium graveolens</i> (Foto: M. Bönisch)	19
Abb. 5: <i>Helosciadium repens</i> flutend (links, Foto: M. Bönisch) und terrestrisch (rechts, Foto: U. Meyer-Spethmann) vorkommend.....	21
Abb. 6: Standorte mit <i>Helosciadium repens</i> : Ein Bach in Bayern (links, Foto: M. Bönisch) und eine Liegewiese an einem See in Brandenburg (rechts, Foto: D. Hanspach).....	22
Abb. 7: <i>Helosciadium nodiflorum</i> in einem Bach (links, Foto: I. Mewis) und blühend an einer Böschung (rechts, Foto: U. Meyer-Spethmann).....	25
Abb. 8: <i>Helosciadium nodiflorum</i> in einem begrügten (links, Foto: P. Thomas) und einem naturnahen (rechts, Foto: C. Weingart) Bach	26
Abb. 9: <i>Helosciadium inundatum</i> terrestrisch (links, Foto: L. Frese) und flutend (rechts, Foto: A. Krumbiegel) vorkommend.....	28
Abb. 10: <i>Helosciadium inundatum</i> terrestrisch als auch flutend vorkommend (Foto: M. Bönisch).....	29
Abb. 11: Überblick über im Jahr 2015 oder 2016 bestätigten (schwarz) und nicht bestätigten Fundorte von <i>Apium graveolens</i> und den <i>Helosciadium</i> -Arten in Deutschland (Karte: © GeoBasis-DE / BKG 2016).....	43
Abb. 12: Überblick über die zur weiteren Bearbeitung ausgewählten Wildsellerie-Vorkommen der Gattungen <i>Apium</i> und <i>Helosciadium</i> (Karte: © GeoBasis-DE / BKG 2016).....	47
Abb. 13: Ergebnis einer Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; Jombart, 2008) bei <i>Apium-graveolens</i> -Vorkommen (Zuordnung der Labor-IDs zu Vorkommen entsprechend Anhang VI; Frese et al., 2018b).....	50
Abb. 14: Genetische Differenzierung von 27 <i>Apium-graveolens</i> -Vorkommen, analysiert mit 16 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Jedes Segment stellt ein Vorkommen dar. Die Schenkellänge eines Segments entspricht dem Distanzmaß $\Delta_{SD(j)}$ des Vorkommens j als Maß für die genetische Distanz des Vorkommens zu der gepoolten Gesamtheit der anderen Vorkommen der Art. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar. Farben kennzeichnen die unterschiedlichen Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962). Labor-IDs kennzeichnen die Vorkommen entsprechend Anhang VI.	51
Abb. 15: Genetische Differenzierung zwischen 27 Vorkommen von <i>Helosciadium repens</i> analysiert mit 6 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar (Zuordnung der Labor-IDs zu Vorkommen entsprechend Anhang VI; Herden et al., 2020).....	53
Abb. 16: Genetische Differenzierung von 20 <i>Helosciadium-nodiflorum</i> -Vorkommen, analysiert mit 17 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar.	

Farben kennzeichnen die unterschiedlichen Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962). Labor-IDs kennzeichnen die Vorkommen entsprechend Anhang VI.....	55
Abb. 17: Genetische Differenzierung von 21 <i>Helosciadium-inundatum</i> -Vorkommen, analysiert mit 15 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar. Farben kennzeichnen die unterschiedlichen Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962). Labor-IDs kennzeichnen die Vorkommen entsprechend Anhang VI.....	56
Abb. 18: Vorkommen der vier Wildsellerie-Arten in Deutschland, für die bereits genetische Erhaltungsgebiete eingerichtet wurden (Symbol: Stern) bzw. für die die Einrichtung vorgeschlagen wird (Symbol: Punkt; Karte: © GeoBasis-DE / BKG 2016).....	57
Abb. 19: Struktur des Netzwerk Wildsellerie und deren Einbindung in das „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“: Die Fachstelle Wildsellerie koordiniert die Erhaltung der Wildsellerie-Vorkommen und ist Ansprechpartner für die lokalen Akteure wie z. B. Eigentümer. Die Fachstelle unterstützt das IBV der BLE bei der Erfüllung der deutschen Berichtspflichten. Das IBV der BLE stimmt sich mit der Fachstelle Wildsellerie und weiteren künftig eingerichteten Fachstellen hinsichtlich der allgemein zutreffenden Rahmenbedingungen zur Einrichtung und Koordination der GenEG und damit verbundenen Aktivitäten ab.	59
Abb. 20: Gruppen von Personen, angeordnet nach Stand des spezifischen Vorwissens zur Erhaltung von WEL und der Notwendigkeit, die Personengruppe an Vorhaben zur Erhaltung von WEL zu beteiligen.....	63
Abb. 21: Logo des Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie	67
Abb. 22: Auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul des Artenschutzes“ im Jahr 2019 wurden die ersten Urkunden an Personen und Institutionen übergeben, welche die Erhaltung von Wildsellerie-Vorkommen unterstützen (Foto: S. Hahn, JKI).....	70

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Anzahl einzurichtender Monitoring-Flächen in Abhängigkeit von der Wuchsflächengröße	38
Tab. 2: Übersicht über die Datenbereitstellung von Wildsellerie-Funden durch Umweltbehörden und im Auftrag Handelnde	40
Tab. 3: Anzahl von im Jahr 2015 oder 2016 kontrollierten (Spalte „kontrol.“) und bestätigten (Spalte „bestät.“) Wildsellerie-Fundorten je Art	42
Tab. 4: Locus-spezifische Parameter für <i>Apium graveolens</i>	49
Tab. 5: F_{IS} -Index über 16 Marker für jedes <i>Apium-graveolens</i> -Vorkommen mit einer Labor-ID entsprechend Anhang VI	51
Tab. 6: Parameter der genetischen Analyse für jedes <i>Helosciadium-repens</i> -Vorkommen (Labor-ID entsprechend Anhang VI, H_0 = beobachtete Heterozygotie, H_e = erwartete Heterozygotie, F_{IS} = Fis-Index nach Weir und Cockerham (1984), $\Delta_{SD(j)}$ = genetische Differenzierung mit $0 < \Delta_{SD(j)} < 1$ zwischen den Vorkommen; modifiziert nach Herden et al., 2020)	52
Tab. 7: Locus-spezifische Parameter für <i>Helosciadium nodiflorum</i>	54
Tab. 8: Locus-spezifische Parameter für <i>Helosciadium inundatum</i>	55
Tab. 9: Anzahl der Nutzer der Webseite https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de in den ersten vier Monaten des Jahres 2020	67
Tab. 10: Anzahl Zugriffe auf die Webseite https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de im Jahr 2020 bis zum 15.05.2020 sortiert nach Domain.	67
Tab. 11: Vorkommen, für die bis zum Juni 2020 bereits genetische Erhaltungsgebiete (GenEG) eingerichtet wurden. Angegeben ist die Anzahl der Flurstücke, für die die Eigentümer eine Einverständniserklärung zur Einrichtung und zum Management des GenEG unterzeichnet haben, der Status der Eigentümer und der Status des Akteurs (Spalte „Unterstützer“), der erklärt hat, die Durchführung geeigneter Maßnahmen für die Erhaltung des Wildsellerie-Vorkommens zu unterstützen.	71

Abkürzungen

BfN	Bundesamt für Naturschutz
BLE	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
DAPC	Discriminant Analysis of Principal Components
ECPGR	Europäisches Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen
FFH	Fauna-Flora-Habitat
GenEG	Genetisches Erhaltungsgebiet
IBV	Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt
H ₀	beobachtete Heterozygotie
He	erwartete Heterozygotie
HWG	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
HWP	Hardy-Weinberg-Prinzip
JKI	Julius Kühn-Institut
MAWP	Most Appropriate Wild Population
MuD	Modell und Demonstration
NSG	Naturschutzgebiet
PCR	Polymerase Chain Reaction
PGR	Pflanzengenetische Ressource
PIC	Polymorphic Information Content
SMTA	Standard Material Transfer Agreement
SSR	Mikrosatelliten
WEL	Wildpflanze für Ernährung und Landwirtschaft
WVK	Wildlebende Verwandte der Kulturarten

1 Einleitung

1.1 Aufgabenstellung

In Wildpflanzenarten für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) enthaltene Gene und Genvarianten sind für die züchterische Anpassung von Kulturarten an sich ändernde Klima- und Produktionsbedingungen unverzichtbar. Insbesondere aus WEL stammende Resistenzgene tragen weltweit zur Sicherung einer ausreichenden Menge und Qualität von Lebensmitteln bei. Der wirtschaftliche Beitrag von WEL zur Erzeugung der 29 weltweit wichtigsten Kulturarten beträgt nach Schätzungen von PricewaterhouseCoopers gegenwärtig jährlich 42 Milliarden US\$ (PricewaterHouseCooper, 2013). Obwohl WEL als unverzichtbare Ressource der Pflanzenzüchtung bezeichnet werden, ist ihre langfristige Erhaltung keineswegs gesichert. Nach Bilz et al. (2011) sind 47 % von 857 untersuchten europäischen WEL gefährdet.

Nach Artikel 5 des Gesetzes zum Internationalen Vertrag vom 3. November 2001 über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft vom 10.09.2003 ist die Bundesrepublik Deutschland verpflichtet, einen integrierten Ansatz zur Erforschung, Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft zu fördern. Jede Vertragspartei wird, laut Art. 5 Abs. 1 d), die In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten der Nutzpflanzen und Wildpflanzen für die Nahrungsmittelerzeugung – auch in Schutzgebieten – fördern, und zwar durch Unterstützung unter anderem der Bemühungen [...] ortsansässiger Gemeinschaften. Die Notwendigkeit der In-situ-Erhaltung von WEL einschließlich wildlebender Verwandter unserer Kulturarten (WVK) wird in der Strategie des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt für die Ernährung, Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft befürwortet.

Das nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen spezifiziert den Handlungsbedarf und begründet im Kapitel 4.2.2 Maßnahmen zur In-situ-Erhaltung von WEL (BMEL, 2015). In Deutschland wurde im Rahmen des MuD-Vorhabens „Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft“ (WEL-Genbank) die Ex-situ-Erhaltung von WEL verbessert (Zachgo und Borgmann, 2014). Bundesweit koordinierte Maßnahmen zur systematischen In-situ-Erhaltung von WEL in genetischen Erhaltungsgebieten existierten dagegen bislang noch nicht.

Seit der Herausgabe des Buches "Plant Genetic Conservation - The In Situ Approach" von Maxted et al. (1997) nimmt das Interesse an der Erforschung und Entwicklung von Maßnahmen zur In-situ-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen stark zu. Die Autoren gehen bei ihren Darstellungen davon aus, dass Mittel für das aktive In-situ-Management pflanzengenetischer Ressourcen stets limitiert sind. Die Entscheidung für oder gegen eine konkrete Maßnahme muss daher wissenschaftlich begründet sein. Seit 1997 entwickeln die Autoren in Kooperation mit einer Vielzahl von Projektpartnern ein Erhaltungsverfahren, das sie als genetic reserve conservation technique bezeichnen. Diese Erhaltungstechnik ist definiert als „die Verortung, das Management und das Monitoring genetischer Diversität in natürlichen Wildpopulationen innerhalb definierter Flächen, die für die aktive und langfristige Erhaltung vorgesehen sind“. Diese Flächen werden als genetic reserve bzw. im Deutschen als genetisches Erhaltungsgebiet (GenEG) bezeichnet.

Jain (1975) verwendete erstmals den Begriff genetic reserve. Eine Fläche von 380 ha im Gebiet des Kibbutz Ammiad in Israel gilt als das erste Naturschutzgebiet, dessen ausdrücklicher Zweck in der In-

situ-Erhaltung genetischer Diversität des Wildemmers besteht. Untersuchungen zur genetischen Diversität des Wildemmers im Gebiet fanden in den späten 1980er Jahren statt (Annikster und Noy-Meir, 1991). Trotzdem war im Jahr 2005 die formale Ausweisung der Fläche als GenEG noch nicht abgeschlossen, weil damit verbundene Planungen langfristiger und komplexer Natur sind (Kaplan, 2008).

Trotz umfassender theoretischer Grundlagen (Maxted et al., 2012; Maxted et al., 1997; Maxted et al., 1997b) stellen fehlende organisatorische Rahmenbedingungen zur Umsetzung nationaler In-situ-Erhaltungsstrategien Gründe für die verzögerte Einrichtung von GenEG dar. Maxted et al. (2015) erarbeiteten deshalb eine Konzeption für die In-situ-Erhaltung von WVK, die vom Europäischen Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) befürwortet wurde. Diese soll schrittweise in den Mitgliedsländern des ECPGR umgesetzt werden. Zur Operationalisierung sollen GenEG identifiziert und organisatorisch miteinander vernetzt werden. Sowohl diese Konzeption als auch inzwischen veröffentlichte nationale Strategien (siehe <http://www.cropwildrelatives.org/cwr-strategies>) zur In-situ-Erhaltung von WVK orientieren sich an einem wissenschaftlich begründeten, hierarchisch strukturierten Verfahren zur Identifikation von Populationen, die für den Aufbau von GenEG besonders geeignet erscheinen. Dass dennoch bis 2019 in keinem europäischen Land die formale Ausweisung eines GenEG gelang, hat mehrere Gründe. Einer davon ist sicherlich die Nichtbeachtung der Prinzipien partizipativer Planung von Naturschutzprojekten.

Zur Identifizierung geeigneter GenEG beschreiben Kell et al. (2012) verschiedene, gleichberechtigte Lösungsansätze. Mit dem nachstehend beschriebenen Vorhaben soll in Deutschland der „Genpool-Lösungsansatz“ beispielhaft umgesetzt werden.

1.2 Ziele des Vorhabens

Ziel des Vorhabens war es, die Erhaltung von WEL in ihren natürlichen Lebensräumen (in situ) zu verbessern. Dies ist eine wesentliche Voraussetzung für ihre nachhaltige Nutzung. Anhand von Wildsellerie-Arten als Modellobjekte sollte demonstriert werden, wie dieses Ziel durch den Aufbau eines beispielhaften bundesweiten Netzwerks von GenEG zu erreichen ist. Ein solches Netzwerk besteht aus einer Anzahl ausgewählter Flächen und darin vorkommender Pflanzenpopulationen, die in ihrer Gesamtheit die innerartliche Vielfalt einer Art abbilden, sowie aus lokalen Akteuren, die den Aufbau und das Management von GenEG unterstützen.

Im Projekt sollten mit dem Aufbau eines Netzwerks von GenEG für Wildsellerie verbundene wissenschaftliche, organisatorische und rechtliche Fragestellungen bearbeitet werden. Im Projekt entwickelte Lösungsmodelle und Produkte können auf andere WEL-Arten übertragen werden. Damit werden wesentliche Grundlagen für einen effektiven und effizienten Schutz bedeutender pflanzengenetischer Ressourcen geschaffen und es wird eine strategische Lücke im Maßnahmenkatalog des nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen geschlossen. Zusätzlich leistet das Projekt einen Beitrag zum Globalen Aktionsplan für pflanzengenetische Ressourcen – insbesondere zu den im Kapitel „Prioritäre Aktivitäten“ genannten Maßnahmen zur Erhaltung und Entwicklung genetischer Ressourcen in situ. Im Abschnitt 85 wird der Aufbau eines Netzes von GenEG explizit genannt (FAO, 2011).

Das Vorhaben verfolgte fünf Teilziele:

1. Aufbau eines länderübergreifenden, webbasierten Inventars von Vorkommen der vier Wildsellerie-Arten als Grundlage für das Bestandsmonitoring,
2. Identifizierung aktueller Bestände von *A. graveolens* subsp. *graveolens*, *Helosciadium inundatum*, *H. nodiflorum* und *H. repens*,
3. Entwicklung von Bewertungs- und Entscheidungskriterien für die Auswahl von GenEG,
4. Planung und Festlegung eines bundesweiten Netzwerks von GenEG in Kooperation mit den für die Ausweisung bzw. das Management von Flächen zuständigen behördlichen Einrichtungen im Bund, in den Ländern und in den ausgewählten Gemeinden,
5. Vorlage einer nationalen In-situ-Management-Strategie zum Schutz von WEL am Beispiel von *Apium* und *Helosciadium*.

1.3 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

WEL haben eine große Bedeutung als Genreserven der Zukunft. Trotz der umfangreichen Nutzung von Resistenzgenen und anderen züchterisch relevanten Eigenschaften von WEL ist der Schutz dieser Arten unzureichend: Entsprechend einer Übersicht des BfN (pers. Mitt. D. Metzting, 2019) sind von den 2346 WEL-Arten in Deutschland 260 extrem selten, 442 sehr selten und 517 selten (insgesamt 1219). Von den 125 zu erhaltenden und vom Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) als prioritär eingestuften WEL-Arten sind 45 (36 %) mindestens selten. Davon sind jedoch nur 11 (rund 9 %) nach Bundesartenschutzverordnung besonders geschützt. Von diesen verfügen lediglich 5 über einen weitergehenden Schutz durch Auflistung in einem FFH-Anhang oder entsprechend der Berner Konvention. Auch wenn weitere WEL-Arten durch Landesnaturschutzgesetze oder als typische Art eines Fauna-Flora (FFH)-Lebensraumtyps direkt oder indirekt geschützt sind, ist anzunehmen, dass die Maßnahmen zur Erhaltung von WEL noch nicht ausreichen, da entsprechend der Roten Liste für Deutschland (Metzting et al., 2018) von den 3651 bewerteten Arten (auch Nicht-WEL) 28 % als bestandsgefährdet bewertet werden. Die Erhaltung genetischer Variation innerhalb von WEL spielte bei der Gestaltung von Bewirtschaftungs-, Pflege- und Erhaltungsmaßnahmen des Naturschutzes als eigenständige Zielsetzung bisher keine Rolle. Maßnahmen des Artenschutzes gewährleisteten deshalb nicht zwangsläufig einen umfassenden Schutz dieser pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Daher sollten Maßnahmen auch die Gestaltung von Rahmenbedingungen beinhalten, die eine dynamische Weiterentwicklung und Anpassung von Pflanzenpopulationen an sich ändernde Wachstumsbedingungen ermöglichen. Insbesondere für seltene Arten, die sich noch nicht im Fokus des Artenschutzes befinden, können GenEG einen Mehrwert darstellen.

Erhaltungs- und Nutzungsstrategien auf lokaler, nationaler und internationaler Ebene entfalten ihre maximale Wirkung, wenn sie sich ergänzen und während der Planung und Umsetzung miteinander abgestimmt werden. Wichtige Maßnahmen zum Schutz von WEL werden die nachhaltigkeitsorientierte land- und forstwirtschaftliche Flächennutzung sowie die Aktivitäten des Natur- und Landschaftsschutzes sein. Kapitel 4.2.2 des zweiten Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen (BMEL, 2015) spezifiziert Ziele des In-situ-Managements und beschreibt den notwendigen Handlungsbedarf. In Abschnitt 4.2.2.3 werden die Identifizierung, der Aufbau und die Ausweisung von GenEG explizit als Handlungsbedarf und Ziel genannt.

Dem Konzept des GenEG liegt ein integrativer Ansatz zugrunde, der In-situ- mit Ex-situ-Maßnahmen kombiniert. In ihren Verbreitungsräumen sind Arten und Vorkommen in sehr unterschiedlichem Maße durch Generosion gefährdet. Dies gilt auch für die Gattungen *Apium* und *Helosciadium*. Die Hinterlegung von Saatgutproben in der Genbank WEL kann den Verlust an genetischen Ressourcen reduzieren und gewährleistet gleichzeitig die Umsetzung einander ergänzender Erhaltungsmaßnahmen gemäß Artikel 5 des Internationalen Vertrags über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Darüber hinaus wird durch die Sammlung von Saatgut die nachhaltige Nutzung der Ressourcen gefördert. Damit stellt die Erhaltungstechnik einen wichtigen Beitrag zu den Zielen der Agrobiodiversitätsstrategie dar. Die effektivere Erhaltung innerartlicher Vielfalt, u. a. durch die Einrichtung von GenEG, sowie ein erleichterter Zugang zu Pflanzenmaterial sind grundlegende Voraussetzungen für die Entwicklung innovativer Produkte und Verfahren auf der Basis genetischer Ressourcen für eine unter wirtschaftlichen, sozialen und ökologischen Gesichtspunkten nachhaltige Nutzung.

Zusammenfassend ist festzustellen, dass wichtige Gründe für die Durchführung eines MuD-Vorhabens existierten. Konzeptionelle Überlegungen als Voraussetzung für eine erfolgreiche Umsetzung lagen bereits vor (siehe Kapitel 2); unklar war hingegen der tatsächliche Einrichtungsprozess von GenEG. Die dazu erforderlichen Schritte und sich bei der Umsetzung ergebende Fragen waren im Rahmen des MuD-Vorhabens zu klären.

2 Konzept

Ein GenEG dient dem Management und der Dauerbeobachtung von Wildpflanzenpopulationen am natürlichen Standort innerhalb eines definierten Gebietes mit dem Ziel der langfristigen Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Diversität. Nach der Definition von Maxted et al. (1997b) umfasst die Einrichtung eines GenEG auch die Festlegung von Populationsgrenzen sowie die Planung populationspezifischer Management- und Monitoring-Verfahren. Die Verteilung genetischer Vielfalt einer Art folgt einem räumlichen Muster. Ist dieses Muster bekannt, so können innerhalb des gesamten Verbreitungsareals Populationen bestimmt werden, die zusammen die genetische Diversität einer Art repräsentieren. Die ausgewählten Vorkommen werden von Maxted et al. (2013) als „Most Appropriate Wild Population“ (MAWP) bezeichnet. Sie sind Flächen zugeordnet, die zusammen ein artspezifisches Netzwerk von GenEG bilden.

GenEG bzw. ein daraus aufgebautes Netzwerk können sich auf einen bestimmten WEL-Genpool (Genpool- oder monographischer Lösungsansatz; Kell et al., 2012) oder auf nach ökonomischen und artenschutzrechtlichen Kriterien ausgewählten WEL (floristischer Lösungsansatz) beziehen (Maxted et al., 2011). Der individuelle Lösungsansatz beschreibt hingegen die Erhaltung von WEL in einem bestimmten Schutzgebiet (Maxted und Kell, 2009). Im GE-Sell-Vorhaben wurde der Genpool-Ansatz angewendet, der bereits anhand der von Kell et al. (2012) erarbeiteten Vier-Schritte-Genpool-Strategie zur Identifizierung von Standorten für GenEG im Rahmen des EU-Vorhabens „An Integrated European In Situ Management Work Plan: Implementing Genetic Reserves and On Farm Concepts“ (AEGRO) bis zur Praxisreife weiterentwickelt wurde. Das Ziel des Genpool-Ansatzes besteht in der Erhaltung innerartlicher Vielfalt aller Wildarten, die mit einer ausgewählten Kulturform kreuzbar sind. Beispielsweise gehören nach Ronse et al. (2010) die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten (BfN, 2020) zum Genpool des Kulturselleries.

Entsprechend Kell et al. (2012) besteht der erste Schritt in der Auswahl eines Genpools bzw. der dazugehörigen Taxa. Im zweiten Schritt werden die zum primären, sekundären bzw. tertiären Genpool einer Kulturpflanzenart gehörende Wildarten nach einem Rangordnungsverfahren ausgewählt. Die wichtigsten Rangordnungskriterien sind: Gefährdungsstatus, züchterische Bedeutung und Kreuzbarkeit mit der Kulturart. Als dritter Schritt folgt eine Analyse der räumlichen Verteilung genetischer Diversität in ausgewählten Taxa. Der vierte Schritt besteht in der Auswahl von Flächen, die für die Ausweisung von GenEG geeignet sind. Der entscheidende fünfte Schritt, die Einrichtung von GenEG, wurde bislang in keinem EU-Mitgliedsstaat vollzogen.

Iriondo et al. (2012) entwickelten Qualitätsstandards für die Erhaltung von WVK-Arten in GenEG zur Unterstützung der Fachpraxis. Die Autoren weisen darauf hin, dass Qualitätsstandards an Bedeutung gewinnen werden, falls – ausgehend von zunächst wenigen, lokalen GenEG – nationale, europäische oder globale Netzwerke entstehen. Qualitätsstandards würden in diesem Fall einheitliche bzw. vergleichbare Verfahrensweisen sicherstellen.

Die In-situ-Erhaltung ist durch eine komplementäre Ex-situ-Erhaltung zu ergänzen, um eine Sicherheitskopie der innerartlichen Vielfalt vorzuhalten (Maxted et al., 1997a). Durch die Kombination werden die Vorteile beider Erhaltungsverfahren genutzt: Durch die In-situ-Erhaltung wird der Wildart die genetische Anpassung an zeitlich und räumlich wechselnde Umweltbedingungen sowie die evolutive Weiterentwicklung ermöglicht. Durch die Ex-situ-Erhaltung, z. B. als Saatgutprobe in einer Genbank, wird die genetische Ressource, geschützt vor Umwelteinflüssen, als statisches Rückstellmuster erhalten und der Zugang für die Pflanzenzüchtung erleichtert.

Im GE-Sell-Vorhaben wurde die von Kell et al. (2012) beschriebene Methode des Genpool-Ansatzes anhand neuer Erkenntnisse präzisiert und weiterentwickelt. Die Ergebnisse wurden durch Frese et al. (2017a) publiziert und am Beispiel der Erhaltung von Wildsellerie-Arten erläutert (Frese et al., 2018a). Demnach eignet sich ein Verfahren aus acht Schritten zur Auswahl und Ausweisung von GenEG für Vorkommen ausgewählter Arten (Abb. 1; Frese et al., 2017a).

Das Verfahren wird durch Frese und Bönisch (2020) als Leitfaden detaillierter beschrieben und es werden Handlungsempfehlungen für Folgeprojekte aufgezeigt. Der Aufbau eines GenEG wurde modellhaft bereits 1997 durch Hawkes et al. (1997) beschrieben und orientierte sich mit der Abfolge von Kern-, Puffer- und Übergangszonen sowie den Zonen zugeordneten Zielen und Auflagen am Modell der Biosphärenreservate (Batisse, 1986). Im Rahmen des GE-Sell-Vorhabens wurde das Modell eines GenEG modifiziert und an den Bedarf des Projekts angepasst. In Abb. 2 ist eine aus drei Teilpopulationen bestehende Meta-Population dargestellt. Das GenEG besteht aus Wuchs- und Migrationsflächen sowie einer diese umgebende Übergangsfläche.

Die Wuchsfläche ergibt sich aus der durch die Zielart besiedelten Fläche zuzüglich eines Schwankungsbereichs der besiedelten Fläche innerhalb einer Dekade. In ihr sollen ausschließlich Maßnahmen erlaubt sein, die der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der Population dienen bzw. es sind Handlungen zu unterlassen, die den Zustand des (Teil-)Vorkommens beeinträchtigen. In der Wuchsfläche finden das Monitoring von Veränderungen des Habitats sowie der demographischen Zusammensetzung des Vorkommens und, sofern angezeigt, Untersuchungen zur Veränderung der genetischen Diversität statt. Durch die Entnahme eines Saatgutmusters und die Einlagerung als Akzession in der Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) wird das Vorkommen zusätzlich ex situ gesichert. Die Akzession kann für populationsverstärkende Maß-

nahmen sowie für die Abgabe von Material für Forschung und Entwicklung verwendet werden. Die Wuchsfläche(n) ist/ sind Bestandteil einer sie umschließenden Migrationsfläche.

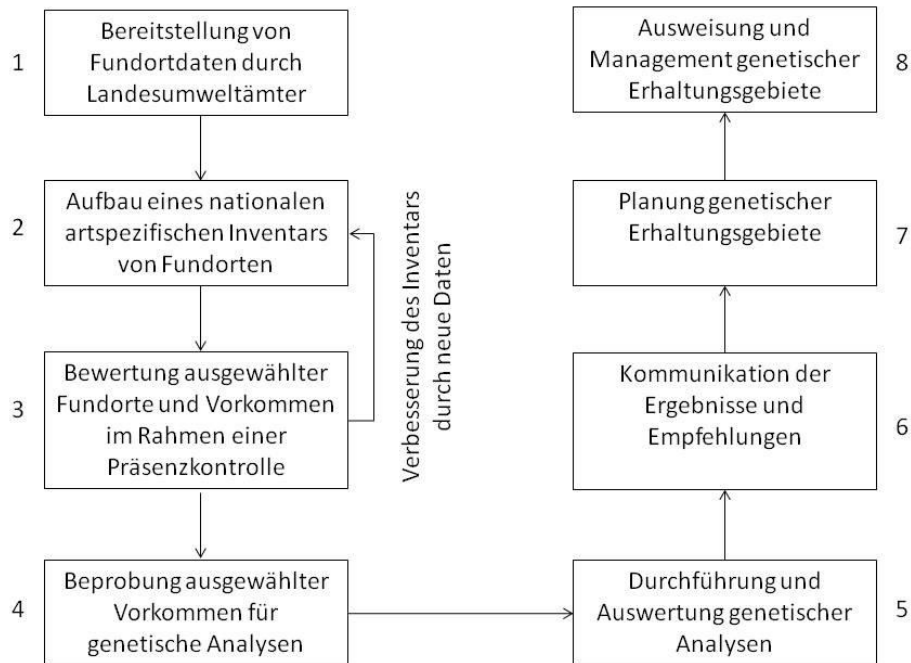


Abb. 1: Planungs- und Umsetzungsschritte für die Auswahl und Ausweisung von GenEG (Frese et al., 2018a)

Die Migrationsfläche dient zur Sicherung von Standorten, in die die Zielart mittelfristig (rund 10 bis 30 Jahre) migrieren kann, z. B. in Folge der Anpassung an sich durch den Klimawandel verändernde Standortbedingungen oder einer Vergrößerung ihres Bestandes. In der Migrationsfläche sind Nutzungsaktivitäten zulässig, soweit sie dem Schutzziel nicht entgegenstehen und eine künftige Besiedlung durch die Art nicht verhindern. Die Migrationsfläche umschließt eine oder mehrere Wuchsflächen eines GenEG oder grenzt an diese an, wenn sich für die Zielart geeignete Biotoptypen um die Wuchsfläche befinden. In der Migrationsfläche kommt die Zielart i. d. R. noch nicht vor, aber ihre Habitatbedingungen entsprechen den Ansprüchen der Zielart aufgrund der natürlichen Gegebenheiten und der bestehenden Unterhaltungsmaßnahmen oder Nutzungen, so dass auf der Fläche prinzipiell die Etablierung der Zielart möglich ist. Die maximale Ausdehnung der Migrationsfläche ergibt sich aus der Ausbreitungsdistanz des Zielvorkommens.

In der Übergangsfläche befinden sich weitere potentiell geeignete Standorte für die Zielart oder solche, die sich mittelfristig dahingehend entwickeln werden. Sie stellt einen Bereich mit für die Zielart geeigneten Biotoptypen dar, zwischen denen sich auch ungeeignete Bereiche befinden können. Auf der Fläche sollten keine Handlungen erfolgen, die den Genfluss zwischen den Wuchsflächen bzw. den Teilen der (Meta-) Population behindern. Die Übergangsfläche umschließt i. d. R. die Migrationsfläche oder grenzt an diese an, kann sich aber auch direkt an die Wuchsfläche anschließen, wenn keine Migrationsfläche ausgewiesen werden kann. Die Außengrenze der Über-

gangsfläche bzw. des gesamten GenEG wird durch die Lage geeigneter Biotoptypen innerhalb der Ausbreitungsdistanz des Zielvorkommens markiert.

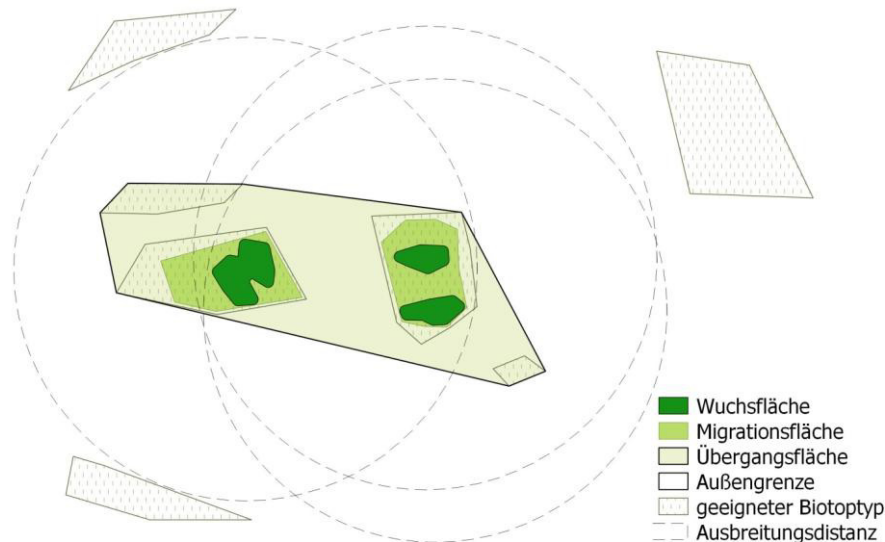


Abb. 2: Modell eines genetischen Erhaltungsgebiets in Anlehnung an Hawkes et al. (1997).

Dargestellt sind die Wuchsflächen der Zielart, die Migrationsflächen, die aus zur Besiedelung durch die Zielart geeigneten angrenzenden Flächen bestehen, und die Übergangsfläche, welche sich aus nahen Flächen mit geeigneten Biotoptypen innerhalb der Ausbreitungsdistanz und den ungeeigneten Bereichen dazwischen zusammensetzt (modifiziert nach Frese et al., 2018a, 2017a)

3 Modellarten: Wildsellerie-Arten

In Deutschland kommen vier Wildsellerie-Arten vor. Sie dienen im GE-Sell-Projekt als Modellarten, weil sie mit dem Kultursellerie verwandt sind und damit eine genetische Ressource für diese Kulturpflanze darstellen. Der Kultursellerie wird als Gemüse-, Gewürz- und Heilpflanze genutzt. Er ist in verschiedenen Variationen bekannt: Bleichsellerie (*A. graveolens* L. var. *dulce*), auch Stauden-, Stiel- oder Stangensellerie genannt, Schnittsellerie (*A. graveolens* L. var. *secalinum*) und Knollensellerie (*A. graveolens* L. var. *rapaceum*). Der Kultursellerie entstand im Mittelmeerraum aus dem Echten Sellerie (*Apium graveolens*). Nach Barbour (1999) stammen alle modernen in Europa und den USA angebauten Sorten des Kulturselleries von lediglich zwei Formen (White Plume und Giant Pascal) ab. Melchinger und Lübberstedt (2003) zeigten, dass das aktuelle, insbesondere in Deutschland verfügbare Sortenspektrum eine sehr schmale genetische Basis und somit eingeschränkte genetische Variabilität aufweist. Substantielle Züchtungsfortschritte sind mittelfristig nur mit einer Verbreiterung des Genpools durch die Einkreuzung von Eigenschaften aus genetischen Ressourcen, insbesondere den WVK, möglich. So könnten unter Umständen auch Kultursorten ohne allergene Inhaltsstoffe gezüchtet werden.

3.1 *Apium graveolens*

3.1.1 Taxonomie

Apium graveolens L. subsp. *graveolens* gehört zur Familie der *Apiaceae* (Doldenblütengewächse). Als Synonym wird *Apium dulce* Mill., *Apium graveolens* subsp. *dulce* (Mill.) Schübl. & G. Martens, *Apium graveolens* var. *dulce* (Mill.) Poir. und *Apium graveolens* var. *rapaceum* (Mill.) Poir. angegeben (BfN, 2020; VBG, 2020). Häufig wird lediglich *Apium graveolens* L. verwendet. Die deutsche Bezeichnung ist Echter Sellerie (BfN, 2020) oder Wilder Sellerie (Jäger, 2016).

3.1.2 Biologische Merkmale

A. graveolens ist ein in Deutschland einheimischer, zweijähriger, selbstkompatibler und insektenbestäubter Doldenblütler und wird bis zu einem Meter hoch. Die Lebensform ist Hydrophyt und Hemikryptophyt (BfN, 2020; UFZ, 2020). Die Halbrossettenstauden mit Sprossbasis, Hypokotyl und Wurzelansätze umfassender Sprossrube blüht nur einmal mit grünlichweißen Blüten in Doppeldolden (Abb. 3). *A. graveolens* bildet Spaltfrüchte aus (Dietrich, 2010). Der Stängel ist meist aufrecht. Die Blätter sind einfach gefiedert mit keilförmigen, oft dreilappigen Fiedern, die oberen dreizählig, oberseits glänzend. Die Hülle und Hüllchen fehlen. Die Wurzel und der Stängelgrund sind dünn (Jäger, 2016). Die Ausbreitung der Art erfolgt über Samen (als Klett-, Wind-, Wasserausbreitung). Sie kommt überwiegend einzeln oder in kleinen Gruppen vor (BfN, 2020). Die Chromosomenzahl ist $2n=22$ (Constance et al., 1976).



Abb. 3: *Apium graveolens* im Röhricht an der Ostseeküste (links, Foto: H. Ringel) und an einer Salzquelle (rechts, Foto: M. Bönisch) wachsend

3.1.3 Ökologie und Lebensraum

A. graveolens bevorzugt als obligater Halophyt nasse, nährstoffreiche, kalk- und salzhaltige Böden. Die Hauptvorkommen bilden Salzpflanzenfluren. Schwerpunkt vorkommen sind dem Pflanzenverband *Agropyro (Elymo)-Rumicion* Nord. 1940 em. Tx. 1950 mit halophiler Ausbildung zuzuordnen (BfN, 2020). Die Art ist insbesondere auf Wiesen, Weiden, im Röhricht und an Böschungen von Gewässern zu finden. Typische Standorte sind brackwasserbeeinflusste Röhrichte und Salzwiesen an Boddengewässern oder geschützten Küsten (Abb. 3).

In Mecklenburg-Vorpommern sind am Aufbau dieser Röhrichte Strandsimsen, Strandastern und Salzteichsimsen in unterschiedlichen Mengen beteiligt. Diese Brackwasserröhrichte stellen die natürliche Vegetation an den Verlandungsufern der Bodden dar. Rückwärtig, im Geolitoral mit nur noch zeitweiligem Überflutungsregime, werden die Röhrichte etwas lichter. In diesen lichterem Abschnitten der Röhrichte hat *A. graveolens* seine ökologische Nische. Ursprüngliche Vorkommen von *A. graveolens* sind in naturnahen Dünentälern, in lockeren vom Eisgang gelichteten Schilfröhrichten der Küste oder entlang von Wildtierpfaden im Röhricht salzbeeinflusster Standorte zu finden. Notwendig ist eine lückige Vegetationsdecke mit offener Bodenoberfläche zur Auskeimung der Samen (Ringel, 2017).

Im Inland kommt die Art sowohl an natürlichen als auch sekundären Binnensalzstellen in Form von salzbeeinflusstem Grünland oder Sohlgräben vor (Abb. 4). Die konkurrenzschwache Art profitiert von der natürlichen Dynamik (z. B. Eisgang, Hochwasser, Ablagerung von Treibgut), Störungen (z. B. bei Wild- und Trampelpfaden) und extensiver Bewirtschaftung in Kombination mit für andere Arten ungeeigneten Standortbedingungen, insbesondere durch den Salzgehalt.



Abb. 4: Aufgrund von Kali-Abraumhalden Salzwasser führender Bach mit *Apium graveolens* (Foto: M. Bönisch)

Ellenbergs Zeigerwerte beschreiben die ökologischen Standortbedingungen für die Art wie folgt (BfN, 2020): Die Böden sind mit einer Feuchtezahl von 9 feucht bis nass, ein Wechsel der Feuchte ist nicht notwendig. Die Stickstoffzahl von 8 deutet auf eine Besiedlung ausgesprochener stickstoffreicher Standorte hin. Hinsichtlich der Bodenreaktion des Oberbodens gilt *A. graveolens* als Schwachbasenzeiger (Reaktionszahl 7). Mit einer Kontinentalitätszahl von 2 und Temperaturzahl von 6 zeigt die Pflanzenart mäßig warmes bis warmes Seeklima an. *A. graveolens* ist mit einer Lichtzahl von 9 eine Volllichtpflanze, so dass davon auszugehen ist, dass beschattete Standorte ungeeignete Wuchsorte sind. Die Salzzahl von 4 weist auf eine geringe bis mäßige Salzverträglichkeit hin. Die Art ist nicht schwermetallresistent.

3.1.4 Verbreitung

A. graveolens ist in Europa vor allem an den Küsten (Mittelmeer, Atlantik, Ostsee) auf Salzwiesen oder im Brackwasserröhricht sowie an Salzstellen im Binnenland verbreitet. Neben Europa kommt die Art insbesondere auch in Südafrika, in Süd-Australien, an der Atlantik- und Pazifikküste Südamerikas, an der Westküste Nordamerikas und in Süd-Asien vor (GBIF Secretariat, 2018).

In Deutschland befinden sich Vorkommen im durch Brackwasser beeinflussten Röhricht oder auf Salzgrünland in Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein sowie an Binnensalzstellen in Sachsen-Anhalt. In Thüringen und Niedersachsen existieren vereinzelte Bestände. In Brandenburg, Hessen und Baden-Württemberg gibt es nur jeweils ein Vorkommen. In Sachsen sind vermutlich bereits alle Fundorte erloschen.

3.1.5 Bedeutung und Nutzung

A. graveolens ist die Urform des Kulturselleries und wird entsprechend der Definition nach (Harlan und Wet, 1971) dem primären Genpool der Kulturart zugeordnet (Frese et al., 2018a). Die Art kann aufgrund ihrer uneingeschränkten Kreuzbarkeit mit dem Kultursellerie insbesondere zur Verbreiterung der genetischen Basis des Kulturselleries genutzt werden. Auch die Wildpflanze verfügt über das typische Sellerie-Aroma und kann wie der Stangen- oder Blattsellerie verwertet werden.

3.1.6 Gefährdung und deren Ursachen

A. graveolens ist gemäß der Roten Liste in Deutschland gefährdet und Bestände der Art sind selten, mit langfristig stark rückläufigem Bestandstrend (Metzing et al., 2018). Entsprechend der Roten Listen von Bayern (STMUV, 2005), Hamburg (Poppendieck et al., 2010), Rheinland-Pfalz (Röter-Flechtner, 2015) und dem Saarland (Anonymus, 2008) gilt die Art dort bereits als ausgestorben bzw. verschollen, in Baden-Württemberg (Breunig und Demuth, 1999), Brandenburg (Ristow et al., 2006) und Schleswig-Holstein (Mierwald und Rohman, 2006) als vom Aussterben bedroht. In Mecklenburg-Vorpommern (Voigtländer und Henker, 2005), Hessen (Starke-Ottich und Gregor, 2019), im Küstengebiet von Niedersachsen/Bremen (Garve, 2004) und in Nordrhein-Westfalen (Raabe et al., 2010) ist die Art stark bedroht. Im Tiefland und Hügel- und Bergland von Niedersachsen (Garve, 2004) und in Sachsen-Anhalt (Frank et al., 2004) ist *A. graveolens* bedroht.

Die Gefährdung der Art ging vor 1988 auf Bebauung, Umwandlung von Grünland in Äcker, Brachfallen extensiv genutzter Frisch- und Feuchtwiesen und Trockenlegen von Feuchtwiesen zurück. Eine anhaltende Ursache ist das Ausbleiben von Überflutung von Salzwiesen und Marschen (BfN, 2020). Ohne hinreichende Störungen am Standort ist *A. graveolens* häufig durch die Dominanz anderer Arten gefährdet. Aber auch eine zu intensive Störung oder das Aussüßen eines Standortes können die Populationen beeinträchtigen.

3.1.7 Verantwortung und Artenschutz

A. graveolens steht weder nach dem BNatSchG noch nach der FFH-Richtlinie oder dem Washingtoner Artenschutzabkommen unter besonderem Schutz. Als typische Art der nach der FFH-Richtlinie geschützten Lebensraumtypen 1330 (Atlantische Salzwiesen) und 1340 (Salzwiesen im Binnenland) kann die Art von Erhaltungsmaßnahmen für die Biotope profitieren. Deutschland hat eine allgemeine

Verantwortlichkeit für die Art (Ludwig et al., 2007). Einige der Vorkommen werden bereits ex situ in Form von Erhaltungskulturen gesichert, z. B. im Schutzgarten an der Kapernmühle im Biosphärenreservat Mittelelbe (Jahn et al. 2009) sowie in mehreren Botanischen Gärten in Deutschland (VBG, 2020). Eine populationsverstärkende Maßnahme fand in diesem Zusammenhang bereits beim einzigen Vorkommen in Baden-Württemberg statt (Sommerfeld, 2013).

3.2 *Helosciadium repens*

3.2.1 Taxonomie

Helosciadium repens (Jacq.) W. D. J. Koch gehört zur Familie der *Apiaceae* (Doldenblütengewächse). Als Basionym wird *Sium repens* Jacq. und als Synonym *Apium nodiflorum* subsp. *repens* (Jacq.), *Apium repens* (Jacq.), *Helodium repens* (Jacq.) Dumort., *Laoberdes repens* (Jacq.) Raf. angegeben (Ronse et al., 2010). Die deutsche Bezeichnung ist Kriechender Sumpfschirm (BfN, 2020) und Kriechender Sellerie (VBG, 2020).



Abb. 5: *Helosciadium repens* flutend (links, Foto: M. Bönisch) und terrestrisch (rechts, Foto: U. Meyer-Spethmann) vorkommend

3.2.2 Biologische Merkmale

H. repens ist eine einheimische, hemikryptophytische (unterirdisches Überdauerungsorgan) mehrjährige Pflanze (BfN, 2020). Es können auch hydrophytische Formen gefunden werden (Überdauerungsorgan liegt Unterwasser) (Abb. 5; Casper und Krausch, 1981; Hacker et al., 2003). Die Art ist niederliegend oder kriechend und wird 10 bis 30 cm lang. An fast allen Knoten kann sie wurzeln. Sie ist kahl und weist keinen Sellerie-Geruch auf, jedoch riecht sie beim Zerreiben nach Petersilie. Die bis zu 15 cm langen Blätter sind einfach gefiedert, mit rundlich eiförmigen, eingeschnittenen Abschnitten. Die Dolden sind 3–6-strahlig und 5–10 cm lang gestielt. Die Hülle ist 3–6-blättrig und die Hüllchen 5–7-blättrig, ohne weißen Hautrand. Die Frucht ist 0,7–1 mm lang und breiter als lang (BfN, 2020). Es kann zum Aufbau einer Samenbank kommen (Voigtländer und Mohr, 2008, zit. nach Hacker et al., 2010), die noch latent einige Jahre existieren kann (Schossau, 2000; Burmeier und Jensen 2008). Submers wachsend besitzt die Art Stängel bis zu einer Länge von 1,5 m (Hacker et al., 2003). Die Blätter sind bis über 40 cm lang. Die Wasserform bildet keine Blüten aus (Casper und Krausch,

1981). Die Art ist selbstkompatibel (East, 1940) und insektenbestäubt (Frank und Klotz, 1990). Abhängig von Witterungsverhältnissen ist die Blütezeit zwischen Juni/Juli bis September (Hacker et al., 2010). Die Samenreife erfolgt zwischen August und Oktober (VBG, 2020). Die Samenausbreitung erfolgt durch Kletten, Wind, Wasser (BfN, 2020) sowie durch Anheften an den Hufen von Tieren und durch Ausbreitung über Verdauungsexkrememente (Hacker et al., 2010). Die Chromosomenzahl ist $2n=22$ (UFZ, 2020). Die Art kann mit einer Landform von *Berula erecta* verwechselt werden (Dienst, 2008).

3.2.3 Ökologie und Lebensraum

Hauptvorkommen von *H. repens* liegen in Kriech- und Trittrasen. Finden kann man die Art ebenso bei offenen, feuchten, zeitweisen überschwemmten, nährstoff- und basenreichen, humosen, sandigen oder reinen Schlammböden (Oberdorfer, 1983). Dies sind häufig Weide- oder Mähweideflächen. Ebenso werden ufernahe Zonen von Gewässern mit hoher standörtlicher Dynamik besiedelt – so ist *H. repens* an Seeufern auf Liegewiesen bei Badestellen und bei Bootsanlegestellen zu finden (Abb. 6, rechts). In Oberbayern und Schwaben kommt die Art auch flutend in Bächen vor (Abb. 6, links). *H. repens* ist eine Kennart des Pflanzenverbands *Agropyro (Elymo)-Rumicion* Nord. 1940 em. Tx. 1950 (BfN, 2020).

H. repens ist als konkurrenzschwache Art bei terrestrischen Standorten auf eine Nutzung/Pflege seiner Biotope angewiesen. Die Art benötigt lückige Strukturen in der Grasnarbe, weil die Kriechtriebe und Keimlinge zum Wachsen Bodenkontakt benötigen. Störstellen und Übergangsbereiche an Ufern, Blänken oder Depressionen werden von *H. repens* besiedelt, sofern der Boden nass bis feucht und ohne längere Austrocknungsphasen verbleibt. Solange ausreichend Dynamik die offenen Strukturen gewährleistet, sind die Ansprüche der Art an den Nährstoffhaushalt unspezifisch. Für die Herstellung günstiger Habitatbedingungen haben sich in Mecklenburg-Vorpommern Pferdeweiden als optimale Nutzungsform erwiesen. Auch das Beweiden feuchter Flächen durch Rinder in Kombination mit Gänsescharen im Herbst ist oft für die Erhaltung der Art geeignet. Eine Mahd der Flächen als Ersatzpflege führt nur auf Schurrasen wie Campingplätzen und an Wasserwanderrastplätzen zum Erfolg. Eine zweimalige Mähnutzung pro Jahr von Grünländern reicht oft nicht aus und führt zu einer dichten Grasnarbe und zum Absterben der Triebe von *H. repens* (Ringel, 2017).



Abb. 6: Standorte mit *Helosciadium repens*: Ein Bach in Bayern (links, Foto: M. Bönisch) und eine Liegewiese an einem See in Brandenburg (rechts, Foto: D. Hanspach)

Entsprechend den Zeigerwerten nach Ellenberg kommt *H. repens* bei folgenden ökologischen Standortbedingungen vor (BfN, 2020): Der Boden ist feucht (Feuchtezahl 7) und wird temporär überschwemmt. Die Stickstoffzahl von 7 deutet auf eine Besiedlung stickstoffreicher Standorte hin. Hinsichtlich der Bodenreaktion des Oberbodens gilt die Art als Schwachbasenzeiger (Reaktionszahl 7). Mit einer Kontinentalitätszahl von 3 und Temperaturzahl von 6 zeigt die Pflanzenart mäßig warmes bis warmes See- bis gemäßigttes Seeklima an. *H. repens* ist mit einer Lichtzahl von 9 eine Volllichtpflanze, so dass davon auszugehen ist, dass beschattete Standorte als Wuchsorte ungeeignet sind. Die Salzzahl von 1 bedeutet, dass Salz vertragen wird, der Boden aber meist keinen oder einen nur geringen Salzgehalt bei der Art aufweist. Die Art ist nicht schwermetallresistent.

3.2.4 Verbreitung

H. repens kommt in weiten Teilen Europas (Westen und Süden) selten und zerstreut vor sowie in Teilen Nordafrikas und auf den Kanarischen Inseln (Hultén und Fries, 1986; Muer et al., 2016; Schoenfelder und Schoenfelder, 2012; Ronse et al., 2010). Der Arealanteil Deutschlands beträgt 10–33 % (BfN, 2020). Die Schwerpunktorkommen in Deutschland befinden sich in der Moränen-Landschaft Nordostdeutschlands (Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg) sowie im Donau- und Voralpenraum (Bayern). Einige wenige bis einzelne Vorkommen sind in Schleswig-Holstein, Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen zu finden.

3.2.5 Bedeutung und Nutzung

H. repens ist ein Verwandter von der Urform des Kulturselleries und eng mit *H. nodiflorum* verwandt (Ronse et al., 2010). Pink et al. (1983) und Quiros (1993) hatten keinen Erfolg bei ihrem Versuch, *A. graveolens*-Kulturen mit *H. nodiflorum* zu kreuzen. Zur Kreuzung mit *H. repens* gibt es bisher noch keine Versuche. Durch die nahe Verwandtschaft von *H. nodiflorum* und *H. repens* plädieren Frese et al. (2018a) für eine vorläufige Einordnung in den nach Harlan und Wet (1971) definierten tertiären Genpool des Kulturselleries und damit als eine potentielle genetische Ressource. Er ist essbar und insbesondere als Wildgemüse zum Verzehr geeignet, z. B. als Petersilienersatz. Bei flutender Wuchsform trägt die Pflanze ggf. zur Wasserfiltration bei.

3.2.6 Gefährdung und deren Ursachen

H. repens ist weltweit und auch in Deutschland stark gefährdet (BfN 2020; Metzling et al., 2018). Aktuell sind Bestände der Art in Deutschland selten mit langfristig stark rückläufigem Bestandstrend. Im nordwestdeutschen Tiefland ist *H. repens* kurzfristig stärker zurückgegangen (Metzling et al., 2018). Entsprechend der Roten Listen von Hamburg (Poppendieck et al., 2010), Hessen (Starke-Ottich und Gregor, 2019), Rheinland-Pfalz (Röter-Flechtner, 2015), Saarland (Anonymus, 2008) und dem Hügel- und Bergland Niedersachsen (Garve, 2004) gilt die Art dort bereits als ausgestorben bzw. verschollen, in Baden-Württemberg (Breunig und Demuth, 1999), Brandenburg (Ristow et al., 2006), Niedersachsens Tiefland (Garve, 2004), Nordrhein-Westfalen (Raabe et al., 2010), Sachsen-Anhalt (Frank et al., 2004) und Schleswig-Holstein (Mierwald und Rohman, 2006) als vom Aussterben bedroht. In Mecklenburg-Vorpommern (Voigtländer und Henker, 2005) und Bayern (STMUV, 2005) ist die Art stark bedroht.

Vor 1988 wurde *H. repens* insbesondere gefährdet durch Rohstoffgewinnung im Kleintagebau und Trockenlegen von Feuchtwiesen. Eine anhaltende Ursache sind die nicht mehr stattfindenden klein-

flächigen Bodenverwundungen (BfN, 2020). Neben der Zerstörung der Standorte durch Veränderung der natürlichen hydrologischen Verhältnisse tragen auch Maßnahmen zur Uferbegradigung und -befestigung, Einschränkung der natürlichen Dynamik von Quellen, Seeufern und Fließgewässern, längere Überstauung der Habitats im Sommer, Aufgabe extensiver Beweidung und Mähweide an Gewässerufern, Umwandlung in Mähwiesen und Sukzession sowie Nutzungsintensivierung oder Überdeckung mit Fremdsubstraten zur Gefährdung bei (Hacker et al., 2010).

3.2.7 Verantwortung und Artenschutz

Das Hauptareal der Art liegt in Deutschland (Anteil: 10–33 %). Daraus folgend ist Deutschland in besonderem Maße verantwortlich für die Art (BfN, 2020). Die Art ist seit 1980 (BfN, 2020; Welk, 2001) streng geschützt nach BNatSchG. In der FFH-Richtlinie wird die Art im Anhang II und IV gelistet. *H. repens* ist nicht Bestandteil des Internationalen Artenschutzes aufgrund des Washingtoner Artenschutzabkommens, jedoch im Anhang der 1979 verabschiedenden Berner Konvention gelistet. Deutschland hat eine besonders hohe Verantwortlichkeit für *H. repens* (Ludwig et al., 2007).

Wiederansiedlungsmaßnahmen fanden in Niedersachsen und Bayern (VBG, 2020) sowie Schleswig-Holstein (Jensen et al., ohne Jahr) statt. Einige der Vorkommen werden bereits ex situ in Form von Erhaltungskulturen in mehreren Botanischen Gärten in Deutschland gesichert (VBG, 2020).

3.3 *Helosciadium nodiflorum*

3.3.1 Taxonomie

Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. Koch gehört zur Familie der *Apiaceae* (Doldenblütengewächse). Als Basionym wird *Sium nodiflorum* L. und als Synonym *Apium nodiflorum* (L.) Lag. angegeben (GRIN-Taxonomy, 2020). Die deutsche Bezeichnung ist Knotenblütiger Sumpfschirm (BfN, 2020), Knotenblütiger Sellerie oder Scheiberich (Jäger, 2016). Bei Kräutergärtnern sind auch die Bezeichnungen Wassersellerie oder Sedanina üblich.

3.3.2 Biologische Merkmale

H. nodiflorum (Abb. 7) ist eine sommergrüne, ausdauernde krautige Pflanze und erreicht Wuchshöhen von meist 30 bis 60 cm, im Extremfall von 10 bis 100 cm. Der niederliegende oder bogig aufsteigende Stängel wurzelt nur an der Basis. Die Pflanze ist kahl und riecht beim Zerreiben aromatisch. Die Blätter sind einfach gefiedert, mit eiförmig-lanzettlichen Fiederblättchen. Der Blatt- rand der Fiederblättchen ist gleichmäßig gekerbt bis leicht gesägt. An den Nodien befinden sich blattgegenständig meist sitzende bis kurz gestielte doppeldoldige vielblütige Blütenstände (wenn gestielt ist der Doldenstiel kürzer als die Doldenstrahlen). Der Blütenstand besitzt 3 bis 15 Doldenstrahlen. An den Dolden sind 1 bis 2 Hüllblätter vorhanden. Die Döldchen besitzen vier bis sechs Hüllchenblätter mit weißem Hautrand. Die weißen bis grünlich-weißen Blütenblätter sind fünfzählig, der Kelch ist nur undeutlich vorhanden. Die Blütezeit ist von Ende Juni bis Mitte September. Eine Bestäubung erfolgt durch Insekten, eine Selbstkompatibilität des Pollens wird erwähnt. Die Spaltfrucht wird 1,5 bis 2,5 mm lang und länger als breit. Die Chromosomenzahl ist $2n=22$ (Jäger und Werner, 2005; BfN, 2020).



Abb. 7: *Helosciadium nodiflorum* in einem Bach (links, Foto: I. Mewis) und blühend an einer Böschung (rechts, Foto: U. Meyer-Spethmann)

Verwechslungsmöglichkeiten ergeben sich mit *Berula erecta*. Im Gegensatz zu *H. nodiflorum* ist bei *B. erecta* der Stängel vom Grund an aufrecht und leicht gerillt, der Blattrand der Fiederblättchen deutlich gesägt, die Blütendolden deutlich gestielt und in der Blüte ein deutlicher Kelch mit 5 Zähnen vorhanden (Jäger et al., 2013).

3.3.3 Ökologie und Lebensraum

Die Standorte von *H. nodiflorum* sind häufig nasse Uferländer von meist nährstoffreichen Gräben (Abb. 8), sowie Röhricht-Säume von Bächen. Die Art bevorzugt basische Böden. *H. nodiflorum* ist eine Charakterart des *Apietum nodiflori* (*Heliosciadietum*) Br.-Bl. 1952 aus dem *Sparganio-Glycerion*-Verband (Oberdorfer, 2001). *H. nodiflorum* kommt als Wechselwasserzeiger auf sehr nassen Böden mit einer Feuchtezahl von 10 nach Ellenberg vor. Sie ist eine helomorphe Sumpfpflanze mit luftgefüllten Räumen in den unterirdischen Organen. Die Nährstoffzahl von 6 nach Ellenberg deutet auf eine Besiedlung mäßig stickstoffreicher bis stickstoffreicher Standorte hin. Hinsichtlich der Bodenreaktion des Oberbodens gilt *H. nodiflorum* als indifferent. Als Pflanzenart mit einem mediterranen bis atlantisch-subatlantischen Verbreitungsschwerpunkt stellt sich *H. nodiflorum* nach Ellenberg als Wärme- bis Extremwärmezeiger mit einer Temperaturzahl von 8 dar. Die Kontinentalitätszahl von 3 nach Ellenberg weist auf eine ozeanische bis subozeanische Klimate der Art hin. *H. nodiflorum* ist mit einer Lichtzahl von 7 nach Ellenberg eine Halblichtpflanze, was auf eine geringe Schattenverträglichkeit hinweist. Die Salzzahl von 1 nach Ellenberg weist auf eine schwache Salzverträglichkeit hin (Ellenberg, 1991). Die Art ist nicht schwermetallresistent. Die Verbreitung der Art erfolgt über Samen oder vegetativ durch Ausläuferbildung (BfN, 2020). Die Art kann bei fehlender Konkurrenz durch Ufergehölze oder Hochstauden eine hohe Dominanz im Böschungsbereich von Bächen und Gräben entwickeln. Bei längerer Überflutung entwickeln sich die Pflanzen submers weniger vital. Bei stärkerer Beschattung lässt die Blühwilligkeit nach. *H. nodiflorum* besitzt in mäandrierenden Bachtälern nach Hochwasserereignissen durch Entstehen offener Schwemmland-

bereiche eine gute Ausbreitungstendenz. Die Ausbreitung kann auch über generative Vermehrung oder Verbringung von Pflanzen bzw. Pflanzenteilen geschehen.



Abb. 8: *Helosciadium nodiflorum* in einem begründeten (links, Foto: P. Thomas) und einem naturnahen (rechts, Foto: C. Weingart) Bach

3.3.4 Verbreitung

Die Art kommt in Deutschland nur in den Bundesländern Hessen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Saarland und Baden-Württemberg vor. Ein Verbreitungsschwerpunkt liegt im Pfälzerwald (Haeupler und Schönfelder, 1989).

Das Verbreitungsgebiet umfasst weite Teile des Mittelmeerraums, Europas und Asiens. Innerhalb Europas umfasst die Verbreitung Nordeuropa (Großbritannien, Irland), Mitteleuropa (Belgien, Niederlande, Luxemburg, Deutschland, Schweiz), Osteuropa (Estland), Südosteuropa (Albanien, Bosnien und Herzegowina, Bulgarien, Kroatien, Griechenland, Italien inklusive Sardinien und Sizilien, Montenegro, Serbien), Südwesteuropa (Frankreich inklusive Korsika, Portugal, Spanien inklusive Balearen). In Afrika ist die Art in Nordafrika (Algerien, Ägypten, Libyen, Marokko, Tunesien), auf den Azoren, Madeira, Kanaren und in Äthiopien verbreitet. Für Asien wird eine Verbreitung in Westasien (Afghanistan, Zypern, Iran, Irak, Israel, Jordan, Libanon, Syrien, Türkei), Zentralasien (Tadschikistan, Turkmenistan, Usbekistan) den Jemen und Pakistan angegeben. In Argentinien, Chile, USA (Kalifornien, New Jersey, South Carolina) und Neuseeland gilt die Art als Neophyt (GRIN-Taxonomy, 2020).

3.3.5 Bedeutung und Nutzung

H. nodiflorum ist ein Verwandter der Urform des Kultursellerie (Quiros, 1993; Ronse et al., 2010). Weil Pink et al. (1983) und Quiros (1993) keinen Erfolg hatten bei ihrem Versuch, *A.-graveolens*-Kulturen mit *H. nodiflorum* zu kreuzen, eine Kreuzung aber unter besonderem Aufwand möglich ist, schlugen Frese et al. (2018a) eine vorläufige Einordnung in den tertiären Genpool (Harlan und Wet, 1971) des Kultursellerie vor. Damit ist die Art eine potentielle genetische Ressource. Durch Einkreuzung von *H. nodiflorum* in den Kultursellerie können Hybriden selektiert werden, denen das allergieauslösende Api g 1-Gen fehlt. Die Art wird als begehrtes Wildkraut mit einem erfrischend aromatischen Geschmack, ähnlich dem Stangensellerie, mit einer leichten Möhrennote beschrieben.

Verwendet werden jungen Stängel und Blätter. Die Stängel lassen sich roh verzehren oder dippen. Die Blätter finden Verwendung als Zutaten für die Zubereitung von Salaten, Smoothies, Pestos und Suppen. In mediterranen Ländern wie Italien, Spanien, Zypern gilt die Art als eine der wichtigsten essbaren Wildpflanzen. Für die Verwendung wird die Pflanze i. d. R. „wild“ gesammelt; nur aus dem Libanon ist bisher die Inkulturnahme der Art als „Lebanon Cress“ bekannt (Pade und Rühlemann, 2016).

In der Volksmedizin wird die harntreibende Wirkung der Art erwähnt, neben einer beruhigenden Wirkung auf Magen und Darm. Auch für Nieren- und Atemwegserkrankungen wird eine Anwendung empfohlen. Daneben besitzt *H. nodiflorum* eine signifikante Wirkung gegen das Bakterium *Helicobacter pylori*, welches für die Auslösung von Magengeschwüren bekannt ist (Pade und Rühlemann, 2016). Die Art besitzt potentielle Ökosystemdienstleistungen z. B. in der Wasserfiltration von Gräben und Bächen.

3.3.6 Gefährdung und deren Ursachen

Die Art wird in der Roten Liste für Deutschland als aktuell selten und gefährdet eingestuft. Langfristig wird von einem mäßigen Rückgang ausgegangen (Metzing et al., 2018). Als anhaltende Gefährdungsursache wird die Eutrophierung von Gewässern angesehen (BfN, 2020). In der Roten Liste von Niedersachsen/Bremen (Garve, 2004) gilt die Art als ausgestorben oder verschollen. In den Roten Listen der Bundesländer Hessen (Starke-Ottich und Gregor, 2019), Nordrhein-Westfalen (Raabe et al., 2010), Rheinland-Pfalz (Röter-Flechtner, 2015) und Baden-Württemberg (Breunig und Demuth, 1999) wird *H. nodiflorum* ebenfalls als gefährdet eingestuft. Für das Saarland (Anonymus, 2008) wird die Gefährdungskategorie „stark gefährdet“ angegeben. In anderen europäischen Ländern, in denen die Art vorkommt, gilt die Art als ungefährdet (BfN, 2020).

3.3.7 Verantwortung und Artenschutz

H. nodiflorum steht bisher nicht im Fokus des Artenschutzes. Nach BNatSchG gehört *H. nodiflorum* nicht zu den besonders oder streng geschützten Arten in Deutschland. Nach FFH-Richtlinie gehört die Art auch hier nicht zu den gelisteten Arten, die gesetzlich unter Schutz gestellt sind. Sie unterliegt auch nicht dem Internationalen Artenschutz über das Washingtoner Artenschutzabkommen. Deutschland hat eine allgemeine Verantwortlichkeit für *H. nodiflorum* (Ludwig et al., 2007).

3.4 *Helosciadium inundatum*

3.4.1 Taxonomie

Helosciadium inundatum (L.) W. D. J. Koch gehört zur Familie der *Apiaceae* (Doldenblütengewächse). Als Basionym wird *Sison inundatus* L. und als Synonym *Apium inundatum* (L.) Rchb. f. angegeben (BfN, 2020). Die Deutsche Bezeichnung ist Untergetauchter Sumpfschirm (BfN, 2020) oder Untergetauchter Sumpfsellerie (Jäger, 2016) oder Flutender Sellerie (UFZ, 2020).

3.4.2 Biologische Merkmale

H. inundatum ist ein niederliegend oder flutend wachsender, heimischer Hydrophyt bzw. Hemikryptophyt (Abb. 9; BfN, 2020) und ausdauernd und ganzjährig grün (UFZ, 2020). Die untergetauchten Blätter sind doppelt gefiedert mit haarfeinen Zipfeln. Blätter oberhalb der Wasserfläche

sind einfach gefiedert mit keilförmigen, oft dreilappigen Fiedern. Die Dolden sind zwei- bis dreistrahlig und scheinbar blattgegenständig. Die Pflanzen werden 10 bis 60 cm hoch und blühen im Juni und Juli. Die Art vermehrt sich durch Samen (Spaltfrucht) oder vegetativ durch Ausläufer und ist selbstkompatibel. Die weißen Blüten werden selbst oder durch Insekten bestäubt (BfN, 2020; UFZ, 2020). Die Chromosomenzahl ist $2n=22$ (Oberdorfer, 1983).



Abb. 9: *Helosciadium inundatum* terrestrisch (links, Foto: L. Frese) und flutend (rechts, Foto: A. Krumbiegel) vorkommend

3.4.3 Ökologie und Lebensraum

H. inundatum kommt in nährstoffarmen Tümpeln, Gräben und Bächen und deren nassen, zeitweilig überfluteten Rändern vor (Abb. 10) und meidet kalkhaltige Böden (Jäger, 2016; BfN, 2020). Die Art ist eine Kennart des Pflanzenverbands *Hydrocotylo-Baldellion* Dierß. et Tx. (1972) und wegen ihrer Konkurrenzschwäche bei der Keimung auf Rohboden angewiesen. Entsprechend den Zeigerwerten nach Ellenberg kommt *H. inundatum* bei folgenden ökologischen Standortbedingungen vor (BfN, 2020): Die Feuchtezahl 10 zeigt an, dass *H. inundatum* als Wasserpflanze vorkommt, die auch längere Zeit ohne Wasserbedeckung des Bodens überstehen kann. Die Stickstoffzahl 2 deutet auf eine Besiedlung sehr stickstoffarmer Standorte hin. Mit einer Kontinentalitätszahl von 2 und Temperaturzahl von 6 zeigt die Pflanzenart mäßig warmes bis warmes Seeklima an. *H. inundatum* ist mit einer Lichtzahl von 7 eine Halblichtpflanze, so dass die Art auch an leicht beschatteten Wuchsorten zu erwarten ist. Die Salzzahl 0 bedeutet, dass Salz im Boden nicht vertragen wird. Die Art ist nicht schwermetallresistent.

3.4.4 Verbreitung

Das Verbreitungsgebiet von *H. inundatum* liegt in der atlantisch-subatlantischen Klimaregion. Die Art kommt nur in Europa und dort vor allem auf den britischen Inseln und dem nordwesteuropäischen Festland (Dänemark, Benelux-Staaten und Nordwest-Deutschland) vor. Vereinzelt Vorkommen gibt es auf der iberischen Halbinsel, Inseln im Mittelmeer und Nordafrika (GBIF Secretariat, 2020). In

Deutschland befinden sich Vorkommen in kleinen Tümpeln, Flussaltarmen und Gräben in Niedersachsen und im nördlichen Nordrhein-Westfalen und vereinzelt in Schleswig-Holstein und Sachsen-Anhalt. In Mecklenburg-Vorpommern war die Art von je her selten und nur in den westlich gelegenen Landschaftsräumen und an der Küste vereinzelt vorkommend – derzeit existiert in Mecklenburg-Vorpommern nur noch ein Vorkommen (Ringel, 2017). Vorkommen in Brandenburg gelten als erloschen.



Abb. 10: *Helosciadium inundatum* terrestrisch als auch flutend vorkommend (Foto: M. Bönisch)

3.4.5 Bedeutung und Nutzung

H. inundatum ist ein Verwandter von der Urform des Kulturselleries (Ronse et al., 2010). Pink et al. (1983) und Quiros (1993) hatten keinen Erfolg bei ihrem Versuch, *A.-graveolens*-Kulturen mit *H. nodiflorum* zu kreuzen. Zur Kreuzung mit *H. inundatum* sind bisher keine Versuche bekannt. Durch die nahe Verwandtschaft von *H. nodiflorum* und *H. inundatum* schlagen Frese et al. (2018a) eine vorläufige Einordnung in den tertiären Genpool (Harlan und Wet, 1971) des Kulturselleries vor. Die Art ist damit eine potentielle genetische Ressource. Weitere Nutzungspotentiale sind noch nicht bekannt.

3.4.6 Gefährdung und deren Ursachen

Die Art wird in der Roten Liste für Deutschland als aktuell selten und stark gefährdet eingestuft. Langfristig wird von einem starken Rückgang ausgegangen (Metzing et al., 2018). Als anhaltende Gefährdungsursache wird die Eutrophierung von Gewässern angesehen; vor 1988 wurden Vorkommen auch durch Abgrabungs- und Abbau-Aktivitäten gefährdet (BfN, 2020). In den Roten Listen des Tieflandes von Niedersachsen (Garve, 2004) sowie von Nordrhein-Westfalen (Raabe et al., 2010) wird *H. inundatum* als stark gefährdet eingestuft. Für Sachsen-Anhalt (Frank et al., 2004), Mecklenburg-Vorpommern (Voigtländer und Henker, 2005) und Schleswig-Holstein (Mierwald und Rohman, 2006) wird die Gefährdungskategorie „vom Aussterben bedroht“ angegeben. In Brandenburg (Ristow et al., 2006), an der Küste und im Hügelland und Bergland Niedersachsens (Garve, 2004) sowie in Ham-

burg (Poppendieck et al., 2010) und Sachsen (Schulz, 2013) gilt die Art als verschollen oder ausgestorben. Die Art ist zentral-europaweit stark gefährdet (BfN, 2020).

3.4.7 Verantwortung und Artenschutz

H. inundatum ist nach BNatSchG eine besonders geschützte Art in Deutschland. Sie ist nicht nach der FFH-Richtlinie oder dem Washingtoner Artenschutzabkommen geschützt. Deutschland hat eine allgemeine Verantwortlichkeit für *H. inundatum* (Ludwig et al., 2007).

4 Untersuchungsgebiet

Das GE-Sell-Vorhaben betrachtet Wildsellerie-Vorkommen in Deutschland, um den modellhaften Aufbau eines Netzwerks von GenEG unter Berücksichtigung der Rahmenbedingungen in der Bundesrepublik zu berücksichtigen. Im Vorhaben nicht näher betrachtet wurden Bundesländer, in denen sich keine Wildsellerie-Vorkommen befinden bzw. bekannt sind oder zu denen aufgrund der Auswahl von Vorkommen für Untersuchungen keine weitere Bearbeitung erfolgte.

In Deutschland herrscht ein gemäßigtes Klima. Die durchschnittliche Temperatur liegt im Juli bei 16,9 °C, im Januar bei –0,5 °C. Die jüngsten Winter fielen in Deutschland besonders mild, die Sommer besonders heiß aus. Mit einer Mitteltemperatur von 10,5 °C war das Jahr 2018 das wärmste in Deutschland seit dem Beginn regelmäßiger Aufzeichnungen im Jahr 1881. Das Jahr 2019 war zusammen mit dem Jahr 2014 das zweitwärmste. Die höchste Temperatur seit Beginn der Wetteraufzeichnungen wurde am 25. Juli 2019 mit 42,6 °C in Lingen in Niedersachsen gemessen (Schayn et al., 2020).

5 Methode

5.1 Methode zur Identifizierung von Vorkommen, die zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete geeignet sind, und Einrichtung von genetischen Erhaltungsgebieten

Die Schritte zur Identifizierung von Vorkommen, die zur Einrichtung von GenEG geeignet sind, orientieren sich an der Vier-Schritte-Genpoolstrategie von Kell et al. (2012). Dabei ist der 1. Schritt die Abgrenzung der Taxa und das Priorisieren der Arten. Dieser Schritt fand nicht im Rahmen der Planung des GE-Sell-Projekts statt. Die vier in Deutschland vorkommenden Wildsellerie-Arten wurden stattdessen pragmatisch als Zielarten definiert, weil sie die wildlebenden Verwandten des Kultursellerie und damit eine pflanzen genetische Ressource sind und sich die Verbreitungsgebiete der vier Arten über weite Teile von Deutschland erstrecken. Dadurch können unterschiedliche landesspezifische Rahmenbedingungen im Vorhaben berücksichtigt werden. Darüber hinaus sind alle vier Arten in Deutschland bereits seit mehreren Jahrzehnten in unterschiedlichem Maße gefährdet (Korneck et al., 1998), weisen einen teils unterschiedlichen Schutzstatus auf und kommen in unterschiedlichen Biotoptypen vor, so dass artspezifisch unterschiedliche Rahmenbedingungen berücksichtigt werden müssen. Darüber hinaus stehen für die Planung und Durchführung artspezifischer Erhaltungsmaßnahmen überwiegend ausreichende Informationen über die Biologie der Art zur Verfügung und erste Erfahrungen mit Maßnahmen zur Wiederansiedlung bzw. Bestandsvergrößerung von *H. repens* liegen vor (z. B. Jensen et al., ohne Jahr).

Schritt 2 ist die Zusammenstellung einer möglichst vollständigen, aktuellen, bundesweiten Liste von Vorkommen der Modellarten unter Nutzung vorhandener Informationssysteme und Datenquellen. Schritt 3 ist die datenbankgestützte Identifikation von Vorkommen der Modellarten als Kandidaten für weitergehende Untersuchungen, insbesondere für die genetische Analyse. Der 4. Schritt ist die Nominierung von durch Maxted et al. (2013) beschriebenen „Most Appropriate Wild Populations“ (MAWP) und Auswahl von Flächen aufgrund der Diversitätsanalysen und weiterer Kriterien nach Maxted et al. (2013). Die Auswahl geeigneter Vorkommen erfolgt dabei in Anlehnung an die Mindestqualitätsstandards für GenEG nach Iriondo et al. (2012).

Dem schließt sich dann die in der Literatur noch nicht näher beschriebene Einrichtung von GenEG an.

5.1.1 Beschaffung von Fundortdaten und Aufbau einer Inventarliste

Zur Identifikation von Wildsellerie-Vorkommen, mit denen die innerartliche Vielfalt bestmöglich repräsentativ erhalten werden kann, wurden zunächst Funddaten der vier Wildsellerie-Arten bei Umweltämtern der sechzehn Bundesländer mittels formaler Anschreiben abgefragt. Artenkenner ergänzten die durch Ämter übermittelten Fundorte im Rahmen der Vorbereitung von Kartierungsarbeiten um weitere Funde. Da die Übermittlung der Daten in unterschiedlichen Dateiformaten und Strukturierungen erfolgte, wurden sämtliche Daten zur Angleichung der Formatierungen in eine Excel-Tabelle übertragen. Hierbei wurden z. B. taxonomische Bezeichnungen angepasst und die Lageangaben mittels der Software QGIS vereinheitlicht. Die dann homogenisierten Datensätze bilden eine Inventarliste mit Fundortangaben für Wildsellerie-Vorkommen in Deutschland.

5.1.2 Auswahl von Fundorten für Präsenzkontrollen

Aus der Inventarliste wurden Vorkommen für Präsenzkontrollen und Begutachtungen ausgewählt. Mittels der Datenerhebung sollten Vorkommen identifiziert werden, mit denen die innerartliche Vielfalt der Modellarten repräsentativ in GenEG erhalten werden kann. Hierfür wurden solche Vorkommen ausgewählt, die zusammen unterschiedliche Naturräume der 3. Ordnung Deutschlands (Meynen et al., 1962) und Habitattypen abdecken und somit genetische Adaptionen an verschiedene Standortbedingungen aufweisen. Sofern ausreichend Fundorte je Naturraum und Habitattyp bekannt waren, wurden möglichst große, mindestens aus 30 Individuen bestehende und ungefährdete Bestände unter der Annahme ausgewählt, dass bei diesen Vorkommen von einem geringen Extinktionsrisiko und hohem Potential zur evolutiven Anpassung auszugehen ist. Ein weiteres Kriterium war ein möglichst aktueller, vorzugsweise lediglich fünf bis maximal zehn Jahre alter, und lagescharfer Artnachweis. Bei der Auswahl wurden Fundorte sowohl innerhalb als auch außerhalb von Schutzgebieten berücksichtigt, um zu prüfen, ob die Einrichtung eines GenEG an Standorten ohne Schutzstatus möglich ist, da dort ggf. lokale Naturschutz-Akteure fehlen und die Akzeptanz von Erhaltungsmaßnahmen geringer ist. Bei einigen Regionen wurde die Auswahl durch zusätzliche Standortkenntnisse der mit den Kartierungen beauftragten Artenkenner beeinflusst: Kannten die Gutachter Wildsellerie-Vorkommen, die nach den oben genannten Kriterien geeignet waren, wurden diese Vorkommen zur Sicherung eines zügigen Auffindens bevorzugt ausgewählt. Verfügten die Kartierer bereits über aktuelle Informationen zu den Vorkommen, war eine erneute Verifizierung nicht erforderlich.

Die Anzahl auszuwählender Vorkommen wurde auf Basis des erforderlichen Zeitaufwands für die Begutachtung und nachfolgende Beprobung sowie den für das Projekt verfügbaren Laborkapazitäten

der Projektpartner ermittelt. Die damit verbundenen Kosten ermöglichten die Begutachtung von ca. 350 Fundorten, die Beprobung und Analyse von ca. 100 Vorkommen und die Einrichtung von 45 GenEG für die insgesamt vier Wildsellerie-Arten. Auf Basis von bei NetPhyD (2014) öffentlich verfügbaren Fundortangaben des Zeitraums 1950 bis 2014 wurden die zu kartierenden Vorkommen je Art auf fünf Kartier-Regionen verteilt (1: Bayern; 2: Brandenburg, Berlin, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein; 3: Hessen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen; 4: Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz, Saarland; 5: Sachsen-Anhalt, Thüringen). Entsprechend der Verteilung der Vorkommen auf die Kartier-Regionen waren insgesamt 344 Vorkommen der vier Wildsellerie-Arten anhand der oben genannten Kriterien für eine Präsenzkontrolle und Begutachtung in der Vegetationsperiode 2015 auszuwählen. Diese sollten zeigen, ob 27 *A.-graveolens*-, 27 *H.-repens*-, 25 *H.-nodiflorum*- und 23 *H.-inundatum*- Vorkommen (insgesamt 102) grundsätzlich für die Erhaltung der innerartlichen Vielfalt zur Verfügung stehen.

5.1.3 Präsenzkontrolle und Begutachtung von ausgewählten Fundorten

Für die ausgewählten Fundorte wurden in der Vegetationsperiode des Jahres 2015 Vor-Ort-Begutachtungen durchgeführt, um zum einen zu überprüfen, ob an den ausgewählten Fundorten die Zielarten existieren, und zum anderen die Lage der Fundorte zu präzisieren und die grundsätzliche Eignung als GenEG zu prüfen. In Vorbereitung der Feldarbeit war zunächst zu eruieren, ob sich die Fundorte an einem Standort befinden könnten, für das eine naturschutzrechtliche Betretungsgenehmigung zum Verlassen der Wege erforderlich ist. Dies sind Naturschutzgebiete, Nationalparke, Naturdenkmäler und geschützte Biotope. Für Fundorte, die möglicherweise über einen solchen Schutzstatus verfügen, wurde die Befreiung von der jeweiligen Verordnung bei der zuständigen Naturschutzbehörde beantragt.

Die Präsenzkontrolle und Begutachtung von Wildsellerie-Vorkommen erfolgte durch regionale Experten im Rahmen von Werkverträgen. Zur bundesweit einheitlichen Datenerhebung der Kartierer bei der Feldarbeit wurden mit Unterstützung durch Artenkenner eine Arbeitsanleitung und ein Datenerfassungsbogen (Anhang I) erstellt. Die Datenerhebung beinhaltete die Erfassung von Angaben zum Zielartenbestand, dessen Lage, zum Standort und dessen Nutzung sowie von Beeinträchtigungen für das Vorkommen und für den Standort sowie die Aufnahme eines Standort-Fotos. Die erhobenen Steckbriefdaten wurden durch die Kartierer in einer standardisierten Excel-Tabelle übermittelt. Diese Daten sowie eine Empfehlung des Gutachters gaben Aufschluss über die potentielle Eignung eines Vorkommens zur Einrichtung eines GenEG.

5.1.4 Bewertung von bestätigten Vorkommen und Auswahl von Vorkommen für weitere Untersuchungen

Auf Basis der erhobenen Daten, georeferenzierten Lageangaben und der Eignungseinschätzung der Botaniker sollten unter Berücksichtigung des Mittel- und Zeitaufwandes und der verfügbaren Laborkapazitäten 27 *A.-graveolens*-, 27 *H.-repens*-, 25 *H.-nodiflorum*- und 23-*H.-inundatum*-Vorkommen (insgesamt 102) für die weitere Bearbeitung, insbesondere die genetischen Analysen, ausgewählt werden. Die Auswahl fand zum Start der Vegetationsperiode des Jahres 2016 in Vorbereitung der Feldarbeit statt. Bei der Auswahl je Art wurden Vorkommen bevorzugt, bei denen festgestellt wurde, dass der Bestand möglichst reich an Individuen ist (mindestens jedoch aus 30 Exemplaren bzw. 0,3 m² bedeckter Fläche pro Vorkommen besteht), eine möglichst große besiedelte Fläche aufweist und nicht akut gefährdet ist. Zusätzlich wurde bei der Auswahl berücksichtigt, dass die Vorkommen je Art

in ihrer Gesamtheit die Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962) Deutschlands und Habitat-typen bestmöglich abbilden sowie Flächen mit unterschiedlichem Schutzstatus vertreten sind. Diese Kriterien sollten zur Identifikation von Vorkommen beitragen, die bereits möglichst stabil und an unterschiedliche Habitatbedingungen angepasst sind. Darüber hinaus bestimmten weitere Infor-mationen zum Vorkommen und zum Standort die Auswahl. So haben beispielsweise Vorkommen mit phänotypischer Variabilität, mit vorhandener generativer Reproduktion und mit hoher Vitalität generell eine höhere Eignung für die Erhaltung innerartlicher Vielfalt und evolutive Anpassung. Wies ein Standort viele nährstoffzeigende oder invasive Pflanzen oder andere für die Wildsellerie-Art ungünstige Bedingungen auf, so wurde dieser Standort als weniger geeignet eingestuft. Als weiteres spielte bei der Auswahl auch die Kooperationsbereitschaft von Beteiligten vor Ort eine Rolle. Vorkommen, für die die Blattproben- bzw. Saatgutentnahme durch die zuständige Naturschutz-behörde nicht genehmigt wird, sind für die Einrichtung eines GenEG ungeeignet, da die Material-entnahme eine Voraussetzung für die Bewertung der genetischen Differenzierung und für die Komponente „Ex-situ-Erhaltung“ der GenEG-Technik ist.

5.1.5 Entnahme von Blattmaterial für genetische Analysen und Erfassung weiterer Daten zum Vorkommen

Die ausgewählten Vorkommen wurden zwischen Juni und September 2016 erneut aufgesucht für die Erhebung weiterer Daten, Sammlung von Blattmaterial für genetische Analysen und Sammlung eines Exemplars als Herbarbeleg. Bei einigen Vorkommen erfolgte die Entnahme von Blattmaterial bereits im Jahr 2015 zum Testen der entwickelten genetischen Marker. Vorzugsweise wurden mit den Arbeiten Personen beauftragt, die bereits zuvor die Begutachtungen im Jahr 2015 durchgeführt hatten, damit die Vorkommen ohne zusätzlichen Aufwand auffindbar sind und ein Vergleich der Erhaltungszustände von 2015 und 2016 möglich ist. Zur bundesweit einheitlichen Datenerhebung und Vorgehensweise bei der Feldarbeit wurden Arbeitsanleitungen, insbesondere zur Sammlung des Blattmaterials (Anhang II), und ein Datenerhebungsbogen (Anhang III) erstellt. Bei den zuständigen Naturschutzbehörden wurden Anträge auf Befreiung von Schutzgebietsverordnungen und für die besonders bzw. streng geschützten *H. repens* und *H. inundatum* von den Artenschutzbestimmungen gestellt. Zur Vermeidung weiterer Anträge wurde die Erlaubnis für die geplante Feldarbeit sowie sämtlicher weiterer Vor-Ort-Arbeiten im GE-Sell-Projekt beantragt: die Wege zu verlassen, im Jahr 2016 Blattmaterial von 35 Pflanzen und eine vollständige Pflanze sowie im Jahr 2018 Saatgut von der Zielpopulation zu entnehmen.

Bei der Feldarbeit wurden Blattproben von Wildsellerie-Pflanzen zur genetischen Untersuchung entnommen. Hierbei wurden die geographischen Koordinaten erfasst, um die Lage-Beziehung der beprobten Exemplare zueinander und zu räumlichen Strukturen zu dokumentieren. Die Blattproben wurden von möglichst weit über den Bestand verteilten Exemplaren entnommen, damit die Wahr-scheinlichkeit, Klone zu beproben, möglichst gering war und die Pflanzen heterogenen Standort-bedingungen unterlagen. Sofern möglich, wurde Material von mindestens 30 Einzelpflanzen je Vorkommen entnommen – vorzugsweise jedoch von 35, um Ersatzproben für einkalkulierte Ausfälle (z. B. durch verschmutzte Proben) vorhalten zu können. Die Existenz und Reproduktion des Vor-kommens sollte in keiner Weise durch die Beprobung gefährdet werden, weshalb in keinem Fall mehr als 35 Proben entnommen werden sollten. Sofern möglich wurden pro Exemplar 0,5 bis 1 g frische Blattmasse gesammelt, so dass ausreichend Blattmaterial für die Analysen sowie für eine

Rückstellprobe vorhanden war. Das beprobte Material sollte möglichst gesund, sauber und frisch sein, da es sonst für die genetischen Analysen ungeeignet ist.

Neben Blattproben wurde ein Exemplar der Zielart für die Einlagerung in das Herbarium Osnabrück entnommen. Bei Vorkommen mit einer geringen Bestandsgröße wurde darauf verzichtet. Die Herbarbelege ergänzend fertigten die Auftragnehmer Fotos mit Nahaufnahmen der Zielart an. Weitere Informationen, die die bereits vorhandenen Daten ergänzten, wurden erfasst zur Fortsetzung der Eignungsprüfung der Vorkommen für die Einrichtung von GenEG, zur Planung der GenEG sowie zur Identifikation lokaler Akteure. Dazu wurden u. a. die Wuchsfelder georeferenziert erfasst und Standortfotos angefertigt, die zusätzliche Informationen über die Lage des Bestandes und die örtlichen Gegebenheiten vermitteln. Darüber hinaus wurden anhand des Erhebungsbogens Daten zum Bestand, zum Standort, zur Gefährdung und zur Nutzung und Pflege notiert und ein Kurzbericht inklusive Handlungsempfehlung zur Erhaltung des Vorkommens erstellt.

5.1.6 Genetische Analysen zu Wildsellerie-Vorkommen

Arten bestehen aus Populationen, die mehr oder weniger stark einem Genfluss unterliegen. Das räumliche Verteilungsmuster genetischer Diversität einer Art entsteht durch Veränderungen von Allelhäufigkeiten bedingt durch Selektion oder durch zufällige Effekte wie z. B. temporäre Auslöschungen oder Fragmentierung von Populationen und die damit verbundene bevorzugte Paarung zwischen verwandten Individuen (Gillet und Gregorius, 2008). Ein besseres Verständnis der Faktoren und Prozesse, welche die räumlichen und zeitlichen Verteilungsmuster genetischer Diversität beeinflussen, ist eine wesentliche Voraussetzung für das Management genetischer Diversität einer Art in ihrem natürlichen Verbreitungsareal (Manel et al., 2003). Das Ziel genetischer Analysen zum Aufbau von GenEG besteht vorrangig darin, auf der Grundlage genetischer Maße Populationen der vier Wildsellerie-Arten zu identifizieren, die zusammen die genetische Diversität einer Art innerhalb eines bestimmten Verbreitungsareals repräsentieren. Für die Auswahl eines Markersystems ist letztlich der Preis pro Datenpunkt und die gewünschte Abdeckung des Genoms entscheidend. Im GE-Sell-Projekt wurden ausschließlich Mikrosatelliten (SSR) als PCR-basierte genetischer Marker verwendet, da sie einen hohen Informationsgehalt (multi-allelisch) besitzen, schnell evolvieren und sich gut für populationsgenetische Analysen eignen.

5.1.6.1 Entwicklung und Testung von Markern für genetische Analysen

5.1.6.1.1 Marker für *Apium graveolens*

Zur Identifizierung von informativen genetischen Markern wurde ein Screening mit den drei *A. graveolens*-Vorkommen BW-UB-20150728-0934 (bei Ubstadt-Weiher in Baden-Württemberg, Blattmaterial der Erhaltungskulturen), SH-KREM-20150902 (bei Neustadt in Holstein) und SH-SEHL-20150824 (bei Lütjenburg in Schleswig-Holstein) à 10 Individuen mit 38 Markern (di-, tri- und tetra-repeat Motive) durchgeführt. Bei den getesteten Markern handelt es sich um publizierte EST-derived SSR-Marker (Acquadro et al., 2006; Fu et al., 2014, 2013).

5.1.6.1.2 Marker für *Helosciadium*-Arten

Da für *Helosciadium*-Arten keine geeigneten Marker für genetische Analysen publiziert sind, wurde im Rahmen eines Werkvertrags das Unternehmen SGS TraitGenetics GmbH (Gatersleben) mit der Entwicklung von SSR-Markern für *H. repens*, *H. inundatum* und *H. nodiflorum* beauftragt.

Zur Identifizierung von informativen SSR-Markern wurde ein Screening an den drei *H. repens*-Vorkommen MV-GC-20120912-1400 (bei Demmin in Mecklenburg-Vorpommern), MV-WWR-20150806-1430 (bei Wesenberg in Mecklenburg-Vorpommern) und NI-OM-20150812-0955 (bei Dümmer in Niedersachsen) à 10 Individuen mit 49 Markern, an den drei *H. inundatum*-Vorkommen SH-SOH-20150828-1200 (in der Bordelhumer Heide in Schleswig-Holstein), NDS-EF-20150712-1450 (in der Aller-Talsandebene in Niedersachsen) und SH-ND-1-20150621-0900 (auf Amrum in Schleswig-Holstein) à 10 Individuen mit 29 Markern und an den drei *H. nodiflorum*-Vorkommen in Rheinland-Pfalz RLP-W01-20150904-1022 (bei Hofstetten), RLP-W02-20150904-1134 (bei Rinthal) und RLP-W22-20150801-0835 (bei Knittelsheim) à 10 Individuen mit 33 Markern gestartet.

5.1.6.2 Durchführung der Analysen

5.1.6.2.1 Analysen für *Apium graveolens*

Aus dem Marker-Screening standen für *A. graveolens* 16 polymorphe SSR-Marker zur Verfügung. Ausgehend vom Projektplan wurde von 27 *A. graveolens*-Vorkommen Blattmaterial entnommen. Nach einem standardisierten CTAB-Protokoll wurde aus getrocknetem Blattmaterial von jeweils 30 Individuen je Vorkommen genomische DNA extrahiert. Insgesamt wurden mit einem RedTaq-Mastermix (Biozym) 12.640 PCR-Analysen durchgeführt und die amplifizierten DNA-Fragmente im Multiplexing-Verfahren mit dem GenomeLab™ GeXP Analyzer (ABSciex) am JKI detektiert und in einer Access-Datenbank dokumentiert.

5.1.6.2.2 Analysen für *Helosciadium*-Arten

Aus dem Marker-Screening standen für *H. inundatum* 16, für *H. repens* 11 und für *H. nodiflorum* 17 polymorphe Marker zur Verfügung. Aus getrocknetem Blattmaterial von jeweils rund 30 Individuen je Vorkommen wurde unter Verwendung eines Extraktionskits (innuPREP Plant DNA Kit, Analytik Jena AG) genomische DNA extrahiert. Gelegentlich auftauchende Amplifikationsprobleme (kein PCR-Produkt) wurden durch Verwendung eines RedTaq-Mastermixes (Biozym) für die PCR beseitigt. Insgesamt wurden bei *H. inundatum* 12.640, bei *H. repens* 8.393 und bei *H. nodiflorum* 8.874 PCR-Analysen durchgeführt.

Da die entwickelten Marker zwei unterschiedliche Markierungen (FAM, HEX) aufweisen, können jeweils zwei Marker simultan in einem Analyselauf detektiert werden. Die verwendeten Markierungsfarbstoffe erfordern jedoch ein spezielles Analyse-Equipment (ABI3130xl, Applied Biosystem). Da bei den Projektbearbeitern ein solches System vor Ort nicht verfügbar war, wurden alle PCR-Produkte der drei *Helosciadium*-Arten an die SGS TraitGenetics GmbH zur Auftrennung übergeben und anschließend von den Projektpartnern ausgewertet (GeneMapper® software package, Applied Biosystems) und in einer Access-Datenbank dokumentiert.

5.1.6.3 Statistische Methoden zur Auswertung

Mit dem ProcAllele-Verfahren (SAS 9.4) wurden deskriptive genetische Parameter (Polymorphic Information Content, PIC; erwartete Heterozygotie, H_e ; beobachtete Heterozygotie, H_o) berechnet. Bei vielen populationsgenetischen Statistikmodellen wird das Vorliegen von Allelfrequenzen im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) vorausgesetzt. Das HWG ist ein mathematisches Modell, welches besagt, dass die Häufigkeit von Allelen und Genotypen in einer Population von Generation zu Generation konstant bleibt; d. h., auf die Zusammensetzung der Population werden keine Einflüsse von außen (Selektion, Inzucht, Drift usw.) ausgeübt. Daher wurde die Abweichung vom

Hardy-Weinberg-Prinzip (HWP) mit dem Chi²-Test ($p=0,05$) für alle Marker-Vorkommen-Kombinationen überprüft. Um die räumliche genetische Struktur der Vorkommen zu untersuchen, wurde mit dem R-Modul *adegenet* (Jombart, 2008) auf der Grundlage der Allelgrößen eine Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC, Jombart et al., 2010) durchgeführt, um Cluster genetisch ähnlicher Individuen zu identifizieren. Einzelne Individuen und Cluster wurden mittels der Funktion *scatter.dapc* visualisiert. Dadurch wurde deutlich, inwieweit die Variationsmuster mit der geographischen Herkunft der Individuen übereinstimmen. Mit dem Distanzmaß Δ (Gregorius et al., 2003) und dem Programm *DifferInt* (Gillet, 2013) wurden die genetische Diversität innerhalb des Materials sowie Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung der Vorkommen ermittelt. Die genetische Differenzierung zwischen den Vorkommen wird mit dem Maß $\Delta_{SD(j)}$, d. h. der genetischen Distanz zwischen dem Vorkommen j und der gepoolten Gesamtheit aller übrigen, dem Komplement, bestimmt. $\Delta_{SD(j)}=0$ bedeutet vollständige und $\Delta_{SD(j)}=1$ keine Übereinstimmung des Vorkommens j mit seinem Komplement. Δ_{SD} ist der Mittelwert aller $\Delta_{SD(j)}$ und ein Maß für die durchschnittliche Differenzierung im gesamten Material. Null-Allele werden in der Datenbank mit „999“ kodiert. *DifferInt* ermöglichte die Auswertung des Datensatzes bzw. die Interpretation entweder als phänotypisches oder genotypisches Ergebnis. Da *DifferInt* bei der Kalkulation auch die Unterschiede in der Fragmentgröße berücksichtigt, ist eine genetische Interpretation nur unter Ausschluss der Null-Allele zulässig. Mit dem F_{IS} -Index nach Wright (1978) wird die durchschnittliche Abweichung der genotypischen Frequenz innerhalb von Populationen vom HWG beschrieben (Holsinger und Weir, 2009). Eine ideale Population im HWG würde den Wert $F_{IS}=0$ auf einer Skala von $F_{IS}=-1$ bis $F_{IS}=+1$ aufweisen. Ein positiver Wert zeigt den Überschuss an Homozygoten, ein negativer Wert den Überschuss an Heterozygoten an. Eine detaillierte Erläuterung und Anwendungshinweise zu den einzelnen hier nur kurz dargestellten Verfahren sind bei Frese und Bönisch (2020) zu finden.

5.1.7 Auswahl von Vorkommen als Kandidaten für genetische Erhaltungsgebiete

Die Ausweisung von GenEG sollte für zehn bis 15 Vorkommen je Wildsellerie-Art vorgeschlagen werden, die die folgenden Kriterien in Anlehnung an die Mindestqualitätsstandards nach Iriondo et al. (2012) bestmöglich, mindestens aber hinreichend erfüllen: 1) Durch die Gesamtheit der ausgewählten Vorkommen soll die genetische Diversität von jeder Wildsellerie-Art bestmöglich repräsentiert werden. Dazu wurden je Art die Vorkommen mit den niedrigsten und höchsten $\Delta_{SD(j)}$ ausgewählt. Damit ist zum einen das Vorkommen einer Art im Netzwerk Wildsellerie vertreten, welches die innerartliche Vielfalt sämtlicher untersuchten anderen Vorkommen der Art, dem Komplement, am besten repräsentiert. Zum anderen wird das Vorkommen einer Art berücksichtigt, welches am stärksten in seiner genetischen Zusammensetzung vom Komplement abweicht. Die größere Differenz dieses Vorkommens zu den anderen wird hierbei als genetische Anpassung an spezifische Einflüsse vor Ort interpretiert. Diese beiden Vorkommen ergänzend wurden solche ausgewählt, mit denen in ihrer Gesamtheit unterschiedliche Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962) abdecken werden können unter der Annahme, dass damit genetische Anpassungen an die jeweiligen ökogeographischen Eigenschaften des Naturraums in der Auswahl enthalten sind. 2) Die Vorkommen sollen einen guten und stabilen Erhaltungszustand aufweisen. Hierfür wurden insbesondere Vorkommen mit einem großen und vitalen Bestand ausgewählt, bei denen keine akuten Gefährdungen festgestellt werden konnten bzw. bei denen die aktuelle Bewirtschaftung oder die Unterhaltungsmaßnahmen die weitere Existenz des Vorkommens ermöglichen. Vorkommen in bestehenden Schutzgebieten wurden bevorzugt ausgewählt, da dort i. d. R. von langfristig günstigen Erhaltungskonditionen auszugehen ist. Um Erfahrungen zur Einrichtung von GenEG außerhalb der

bestehenden Schutzgebietskulisse zu sammeln, wurden auch einige geeignete Vorkommen ohne bestehenden Flächenschutz ausgewählt. 3) Die in die Einrichtung von GenEG und das anschließende Management einzubindenden lokalen Akteure sind kooperationsbereit (soweit bekannt). Dies sind insbesondere die Flächeneigentümer und –nutzer sowie die zuständigen Naturschutzbehörden.

5.1.8 Prozesse zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete und des Aufbaus eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete

Um die langfristige Existenz eines GenEG zu ermöglichen, ist dessen Einrichtung und Management mit den wesentlichen Beteiligten vor Ort abzustimmen. Hierfür ist die Einigung mit allen die Fläche betreffenden Beteiligten erforderlich, die durch die Unterzeichnung eines geeigneten Dokuments schriftlich festzuhalten ist. Darüber hinaus sollte mit der Einrichtung von GenEG die Gründung eines Netzwerks Wildsellerie verbunden werden, in dem die Erhaltung der Wildsellerie-Arten und ihrer innerartlichen Vielfalt miteinander abgestimmt wird. Zur Klärung des Einrichtungsprozesses für GenEG und der Prozesse für die künftige Zusammenarbeit von Netzwerk-Partnern stimmte sich das Projektteam mit dem IBV der BLE und dem BMEL ab und legte Zwischenergebnisse dem Justizariat des JKI sowie ausgewählten lokalen Akteuren zur Evaluation vor. Als Arbeitsgrundlage diente der vom IBV zur Verfügung gestellte Entwurf einer Kooperationsvereinbarung, der im Zusammenhang mit dem vom BMEL geförderten MuD-Vorhaben „Überlebenssicherung der Wildrebe *Vitis sylvestris* C.C. Gmel. in den Rheinauen durch gezieltes In-situ-Management“ erstellt wurde. Der Entwurf wurde angepasst bzw. weiterentwickelt, bis die jeweiligen Anliegen und Sichtweisen der Beteiligten hinreichend berücksichtigt wurden und Dokumente vorlagen, die geeignet sind zur Einrichtung von GenEG.

5.1.9 Kommunikation zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete

Bisherige Projekte führten bislang nicht zum Aufbau einer Struktur für eine systematische und dauerhafte Erhaltung von WEL in Deutschland. Die Kooperation zwischen dem Naturschutzsektor und Institutionen aus dem Agrarsektor sollte für eine Verbesserung der Erhaltung von WEL gestärkt werden. Insbesondere sind in Vorbereitung der Planung und Einrichtung von GenEG Akteure über die Bedeutung von WEL zu informieren, Unterstützer zu gewinnen, Partner für Netzwerke von GenEG zu identifizieren und zum Beitritt zu motivieren. Hierfür sind Informationen in einer an die Adressaten angepassten Weise bereitzustellen. Als Grundlage für eine zielführende Kommunikation wurde ein Kommunikationsstrategie-Entwurf erarbeitet. Darin werden die Adressaten-Gruppen beschrieben und Kernbotschaften genannt. Die Prinzipien für eine erfolgreiche Kommunikation und geeignete Kommunikationsmittel sowie die dafür erforderlichen Ressourcen wurden recherchiert. Die Kommunikation zur In-situ-Erhaltung von WEL und im speziellen zur Einrichtung von GenEG orientierte sich an der entworfenen Strategie.

5.1.10 Planung und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete

Die Erarbeitung eines Vorschlages für die Abgrenzung eines GenEG bzw. der Wuchs-, Migrations- und Übergangsfläche und für einen standortspezifischen Managementplan sind Voraussetzungen für die Einrichtung von GenEG. Zum einen sind damit die betroffenen Flurstücke zu bestimmen als Voraussetzung zur Identifikation der lokalen Akteure, insbesondere der Flächeneigentümer und -bewirtschafter. Zum anderen sind Nutzungseinschränkungen oder -anpassungen und erforderliche Pflege- und Entwicklungsmaßnahmen zu bestimmen, um diese zur Erhaltung eines Vorkommens im

GenEG mit den lokalen Akteuren zu erörtern. Für die Planung reichten die vorhandenen Daten zu den Vorkommen nicht aus. Aus diesem Grund erfolgten weitere Datenerhebungen durch geeignete Auftragnehmer. Die Feldarbeit wurde mit der Sammlung von Saatgut zur Einlagerung in die Genbank WEL und dem ersten Monitoring-Durchgang verknüpft. Sie fand in der Vegetationsperiode des Jahres 2018 und aufgrund einer Projektverlängerung zusätzlich im Jahr 2019 statt. Der von den Auftragnehmern erarbeitete Vorschlag zur Lage der Wuchs-, Migrations- und Übergangsfläche und zum Management wurde lokalen Akteuren zur Diskussion gestellt. Auf Basis der Lageangaben wurden noch nicht bekannte Flächeneigentümer und weitere lokale Akteure identifiziert, kontaktiert und über das Vorhaben sowie die Rahmenbedingungen zur Einrichtung eines GenEG informiert. Gelang die Abstimmung mit den lokalen Akteuren, wurden GenEG eingerichtet.

5.1.11 Monitoring genetischer Erhaltungsgebiete

Das Ziel von GenEG ist die Verbesserung der Erhaltung von WEL sowie ihrer innerartlichen Vielfalt. Zur Prüfung, ob das Ziel erreicht wurde, sind der Erhaltungszustand des Zielartenbestandes und die genetische Diversität im Bestand zu kontrollieren. Wird eine Verschlechterung festgestellt, so ist mit geeigneten Maßnahmen der negativen Entwicklung entgegenzuwirken. Um eine Veränderung des Zustands über die Zeit zu erfassen, wurden bereits im Rahmen des GE-Sell-Projekts Daten zur Demographie und Genetik der Bestände erfasst, die bei der Auswertung künftiger Monitorings zum Vergleich herangezogen werden können.

Für das genetische Monitoring kann die Methodik der im Rahmen des GE-Sell-Projektes durchgeführten genetischen Analysen und Auswertungen genutzt werden. Die Ergebnisse sind Vergleichswerte für künftige Monitorings. Grundsätzlich können auch andere Analysemethoden (z. B. genotyping by sequencing, kurz GBS) und statistische Auswertungsverfahren (Frese und Bönisch, 2020) geeignet sein. Passportdaten des genetischen Monitorings sind das Datum der Stichprobennahme vom Blattmaterial, die Anzahl analysierter Individuen eines Bestandes, Typ (z. B. Mikrosatelliten) und Anzahl der verwendeten Marker sowie die Anzahl distinkter Allele im Vorkommen.

Als künftige Vergleichsgrundlage zur demographischen Entwicklung reichten die bereits erhobenen Daten nicht aus, so dass das erste demographische Monitoring am Ende des GE-Sell-Projektes durchgeführt wurde. Dazu wurden ein Datenerhebungsbogen (Anhang IV) und ein Konzept für Monitoring-Flächen erstellt. Demnach waren allgemeine Bestandsinformationen zu erheben, die zusammen mit den in den Jahren 2015 und 2016 erfassten Daten zum Erkennen von Veränderungen in der Bestandsgröße genutzt werden können. Darüber hinaus wurden je nach Wuchsfächengröße zwischen ein und vier 1 m x 1 m – Monitoring-Flächen eingerichtet (Tab. 1).

Tab. 1: Anzahl einzurichtender Monitoring-Flächen in Abhängigkeit von der Wuchsfächengröße

Größe der Wuchsfäche	Anzahl Monitoring-Quadranten
bis 20 m ²	1
20 m ² bis 100 m ²	2
100 m ² bis 500 m ²	3
größer als 500 m ²	4

Hierbei war die erste Monitoring-Fläche im dichtesten durch die Zielart besiedelten Bereich zu platzieren und weiteren so gleichmäßig über die Wuchsfäche zu verteilen, dass die Zielart in jeder Monitoring-Fläche vorkommt. Existierten bereits Monitoring-Flächen (z. B. für FFH-Kartierungen),

konnten diese genutzt werden. Die Lage der Monitoring-Flächen wurde mittels Koordinaten, einer Lagebeschreibung und Fotodokumentation erfasst und bei einigen Vorkommen mit Dauermagneten oder Pfählen markiert, so dass künftige Monitorings auf denselben Flächen erfolgen können. In den Quadranten war die Anzahl der Keimlinge, juvenilen, blühenden und fruchttragenden Exemplare bzw. die durch sie abgedeckte Fläche zu erfassen. Das demographische Monitoring erfolgte vorzugsweise in der Vegetationsperiode des Jahres 2018. Erforderliche Nacharbeiten waren aufgrund einer Projektverlängerung in der Vegetationsperiode 2019 möglich.

5.1.12 Sammlung und Einlagerung von Ex-situ-Saatgutmustern und Zugang zur Ressource

Die Feldarbeiten in den Vegetationsperioden der Jahre 2018 und 2019 wurden mit der Sammlung von Saatgut verknüpft. Die Saatgutsammlung erfolgte entsprechend der Anleitung von ENSCONET (2009). Dementsprechend waren rund 5.000 Diasporen zu sammeln, maximal jedoch nur 20 % der reifen Samen, so dass Bestände durch die Besammlung nicht unnötig gefährdet werden würden. Das Saatgut wurde am Botanischen Garten der Universität Osnabrück gereinigt und anschließend unter Vakuum in Aluverbundbeuteln verschweißt und unter Tiefkühlbedingungen in der Genbank WEL eingelagert. Jeder Saatgutprobe wurde eine Akzessionsnummer zugeordnet.

Im Rahmen des Nagoya-Protokolls, welches den Zugang zu genetischen Ressourcen und die ausgewogene und gerechte Aufteilung der sich aus ihrer Nutzung ergebenden Vorteile regelt, wurden die Verpflichtungen zum Access and Benefit Sharing (ABS) konkretisiert. Zugangs- und Nutzungsrechte bezüglich des GE-Sell-Projektes waren zu klären.

5.2 Datenmanagement

5.2.1 Aufbau und Implementierung einer webbasierten, raumbezogenen Datenbank

Für die Unterstützung von Kartierungsarbeiten im Rahmen des GE-Sell-Vorhabens und zum Aufbau eines bundesweiten Inventars punktgenau georeferenzierter Wildsellerie-Vorkommen wurde durch einen Auftragnehmer ein kartenbasiertes Datenportal erstellt. Das Datenportal wurde als Modul des webbasierten „Botanischen Kartierungsportals“ (<http://vm323.rz.uos.de/mapportal>) entwickelt, das durch die Universität Osnabrück im Rahmen des WEL-Genbank-Projektes erarbeitet wurde. Das Portal diene bereits zur Dokumentation im Feldbestand erfasster, georeferenzierter Passportdaten und unterstützt die Meldung, Beprobung oder Erfassung von Vorkommen sowie die Erzeugung von Akzessionsnummern mit dazugehörigen Barcodes zur Etikettierung von Proben. Für die Entwicklung der GE-Sell-Anwendung waren sowohl Arbeiten am Server (z. B. Einrichtung der Datenbank, Installation benötigter Komponenten) als auch die Erarbeitung einer clientseitigen Zugriffsoberfläche (Kartenportal zur Erfassung von Vorkommen) erforderlich. Auf das Portal und die damit verbundenen Daten sollten lediglich registrierte Nutzer Zugriff haben. Darüber hinaus waren die Entwicklung einer mobilen Erfassungsanwendung vorgesehen, die der direkten Datenaufnahme im Feld dient, sowie einer Anwendung, die die Georeferenzierung und Verwaltung von GenEG ermöglicht.

5.2.2 Einbindung der Daten in Datenbanken

Die im Rahmen des GE-Sell-Projekts zu den Vorkommen erhobenen Informationen sollen Naturschutzbehörden zur Verfügung gestellt werden, um auch bei deren Arbeitsbereichen berück-

sichtigt zu werden. Mit der Implementierung eines webbasierten Kartierungsportals ist der Aufbau einer projektbezogenen Datenbank verbunden, in der Informationen zu Wildsellerie-Vorkommen und GenEG systematisch abgelegt werden können. Es können Datenbankauszüge erstellt werden, durch die die erhobenen Daten Naturschutzbehörden sowie dem IBV der BLE zur Verfügung gestellt werden. Dadurch kann das IBV die Daten in das Nationale Inventar Pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland (PGRDEU) einbinden. Informationen zu Wildsellerie-Akzessionen können in der Datenbank der Genbank WEL abgelegt werden.

6 Ergebnisse

6.1 Charakterisierung und Auswahl von Wildsellerie-Vorkommen, die für die Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete geeignet sind

6.1.1 Fundortdaten zu Wildsellerie-Vorkommen in Deutschland

Für den Aufbau einer Inventarliste mit Wildsellerie-Fundorten in Deutschland stellten Umweltbehörden (Tab. 2) sowie weitere Artenkenner innerhalb weniger Wochen insgesamt rund 2400 Datensätze zu Wildsellerie-Beobachtungen zur Verfügung. Die Ursachen für eine mitunter verzögerte Übermittlung der Daten waren Überlastung, krankheitsbedingte Ausfälle und fehlende Ansprechpartner bei einigen der Behörden. Die Bereitstellung der Daten war i. d. R. mit Auflagen zur Nutzung und Weitergabe verbunden. Berlin, Bremen und Hamburg konnten keine Fundortangaben übermitteln. Die Übersendung der Daten erfolgte in unterschiedlichen Dateiformaten und mit unterschiedlicher Aktualität sowie unterschiedlichen Deskriptoren. Auf Fundortdaten in Niedersachsen konnte nur durch Kopieren der Originalerfassungsbögen zugegriffen werden. Die Lageangabe der Fundorte erfolgte mit unterschiedlichen Bezugssystemen und Genauigkeiten (z. B. Minutenfeld, UTM-Koordinaten, Gauß-Krüger-Koordinaten). Die gesammelten Datensätze beinhalten auch Mehrfacherfassungen von Vorkommen (z. B. verteilen sich die 531 Fundortangaben in Bayern lediglich auf 300 Lagepunkte) und nachweislich erloschene Vorkommen. Aus diesem Grund war nur ein Teil des gesamten Datensatzes als Grundlage für eine Auswahl von Vorkommen für weitere Untersuchungen geeignet.

Tab. 2: Übersicht über die Datenbereitstellung von Wildsellerie-Funden durch Umweltbehörden und im Auftrag Handelnde

Bundesland	Datengeber	Dateiformat	Anzahl der Datensätze	Zeitraum der Erfassung
Baden-Württemberg	Landesanstalt für Umwelt	PDF	6	1993-1995
Bayern	Landesamt für Umwelt	Excel	531	1902-2014
Brandenburg	Landesamt für Umwelt	Shape, Excel	150	1909-2012
Hessen	Hessen-Forst/FENA	Shape, PDF	424	1730-2006
Mecklenburg-Vorpommern	Institut für Landschaftsökologie und Naturschutz	Excel	137	1194-2014
Niedersachsen	Landesbetrieb für Wasserwirtschaft, Küsten- und Naturschutz	Originalerfassungsbögen	468	1982-2012
Nordrhein-Westfalen	Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz	Excel	148	1988-2014
Rheinland-Pfalz	Landesamt für Umwelt,	Shape, Excel,	193	1986-2011

	Wasserwirtschaft und Gewerbeaufsicht	Word		
Saarland	Zentrum für Biodokumentation	Shape, PDF	11	1982-1997
Sachsen	Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie	DBF-Datei	4	1982-1989
Sachsen-Anhalt	Landesamt für Umweltschutz	Shape, Excel, PDF	168	1883-2010
Schleswig- Holstein	Artenagentur	Shape, Excel, PDF	5	2012-2014
Schleswig- Holstein	Landesamt für Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume	Excel	76	1194-2012
Thüringen	Landesanstalt für Umwelt und Geologie	Shape, PDF	26	1991-2012, teilweise ohne Angabe

Die aus den Datensätzen zusammengestellte, homogenisierte Inventarliste in Form einer Excel-Tabelle besteht aus 503 Spalten und beinhaltet neben Informationen zur Lage und zur Erfassung für einige Fundorte auch Angaben zur Bestandsgröße, Gefährdungen und weiteren Beobachtungen.

6.1.2 Auswahl von Fundorten für Präsenzkontrollen

Mittels der Inventarliste wurden 322 Fundorte anhand von Kriterien (siehe Abschnitt 5.1.2) für eine Präsenzkontrolle und Begutachtung ausgewählt. Aufgrund von fehlenden Informationen in der Inventarliste konnte bei vielen Fundorten die Auswahl nicht anhand sämtlicher Kriterien durchgeführt werden. Zu 20 *H.-repens*-Vorkommen in Bayern und 17 in Mecklenburg-Vorpommern lagen den Auftragnehmern durch ihre Kartierungen im Rahmen des FFH-Monitoring bereits hinreichend aktuelle Informationen vor (in Mecklenburg-Vorpommern zwischen 2011 und 2014 erfasst; für Bayern siehe Wagner und Wagner, 2008). Die Bestände wurden als präsent angenommen und eine erneute Verifizierung im Jahr 2015 als nicht erforderlich eingeschätzt. Für das Bundesland Saarland fand die Auswahl erst im Jahr 2016 statt, da erst zu diesem Zeitpunkt ein regionaler Experte mit der Begutachtung beauftragt werden konnte. Die tatsächliche Anzahl ausgewählter Vorkommen weicht geringfügig von der Vorplanung (344 Vorkommen) ab, weil in einigen Kartier-Regionen die vorgesehene Anzahl an Vorkommen je Art durch die Fundortangaben nicht erreicht werden konnte. Eine Auflistung der ausgewählten Fundorte sowie eine Begründung für die Auswahl befinden sich im Anhang V.

6.1.3 Vorbereitung der Präsenzkontrollen und Begutachtung

Die Identifikation geeigneter Gutachter war aufwändig. Für die Kartierung von *H.-nodiflorum*-Vorkommen im Saarland konnte im Jahr 2015 kein Gutachter gefunden werden. I. d. R. wurden die in einem Bundesland zu kontrollierenden Fundorte durch jeweils denselben Auftragnehmer bearbeitet. Die Organisation der Werkverträge gestaltete sich mitunter schwierig, da die Auftragnehmer mit der Unterstützung bei der Auswahl von Vorkommen fachliche Vorleistungen erbringen mussten. Durch den verzögerten Beginn und sehr zeitaufwändigen Auswahlprozess zu begutachtender Vorkommen konnten die Auftragnehmer erst relativ spät in der Vegetationsperiode 2015 ihre Arbeit aufnehmen. Dies stellte bei der Begutachtung der Wildsellerie-Arten indes kein Hindernis dar. Die Begutachtung erfolgte im Rahmen von elf Werkverträgen.

6.1.4 Präsenzkontrolle und Begutachtung von ausgewählten Fundorten

Die Begutachtung der meisten Fundorte konnte zwischen Juni und Oktober 2015 durchgeführt werden. Die Kontrolle von zwei Fundorten im Saarland erfolgte erst in der Vegetationsperiode 2016, da zuvor kein Kartierer zur Verfügung stand. Von je drei Vorkommen in Mecklenburg-Vorpommern und Bayern und einem Vorkommen in Sachsen-Anhalt, zu denen aktuelle Informationen vorhanden waren, erfolgte die Begutachtung im Rahmen der weiteren Datenerhebung im Jahr 2016. Die Verifizierung und Begutachtung eines Fundortes oder von Teilbereichen von Fundorten konnten nicht durchgeführt werden, wenn die Betretungsgenehmigung von der zuständigen Behörde nicht erteilt wurde bzw. der Standort nicht ohne weiteres zugänglich war. Für neun *H.-repens*-Vorkommen in Bayern, zu denen bereits aktuelle Daten vorlagen, erfolgte weder 2015 noch 2016 die Verifizierung, da sie nicht für die weitere Bearbeitung im Projekt ausgewählt wurden. Zwei *H.-nodiflorum*-Fundorte in Rheinland-Pfalz und vier Fundorte von *A. graveolens* wurden im Verlauf der Kartierungsarbeiten auf Empfehlung der regionalen Experten durch jeweils einen anderen Fundort ersetzt. Für einige Fundorte zeigte sich durch die Präsenzkontrollen vor Ort, dass sie näher beieinander lagen als der Inventarangabe zu entnehmen war, so dass es sich vermutlich um eine einzige Population mit Teilvorkommen handelt. Hier war es u. U. sinnvoll, die Teilvorkommen für die weiteren Untersuchungen gemeinsam zu betrachten. Auch bei einigen anderen Fundorten stellten die Kartierer Teilvorkommen fest, die vermutlich gemeinsam eine Population bilden. Trotz der Arbeitsanleitung, die die Kartierung standardisieren sollte, wurden einige Teilvorkommen einzeln und andere zusammen erfasst. Die Anzahl von Vorkommen, die angegeben wird, ist aus diesem Grund davon abhängig, ob es sich um die durch die Kartierer übermittelte Anzahl oder um die Anzahl bei Zusammenfassung von Teilvorkommen handelt. Die nachträgliche Vereinheitlichung der Methodik ist indes nicht unproblematisch, da in der Regel Informationen (z. B. Ausbreitungswege, genetische Diversität) fehlen, mit denen die Abgrenzung eines Vorkommens als Population fundiert möglich ist.

Tab. 3: Anzahl von im Jahr 2015 oder 2016 kontrollierten (Spalte „kontrol.“) und bestätigten (Spalte „bestät.“) Wildsellerie-Fundorten je Art

Region und deren Bundesländer	<i>Apium graveolens</i>		<i>Helosciadium repens</i>		<i>Helosciadium nodiflorum</i>		<i>Helosciadium inundatum</i>	
	kontrol.	bestät.	kontrol.	bestät.	kontrol.	bestät.	kontrol.	bestät.
Bayern			49	39				
Brandenburg	3	2	12	6			3	0
Mecklenburg-Vorpommern	20	20	12*	12*			1	1
Schleswig-Holstein	16	13	2	1			3	3
Hessen	2	1			8	3		
Niedersachsen	10	7	1	1			63	30
Nordrhein-Westfalen	2	2	5	4	3	2	19	11
Baden-Württemberg	1	1						
Rheinland-Pfalz					45	37		
Saarland					2	1		
Sachsen-Anhalt	20	15	1	1			5	1
Thüringen	4	3						
Gesamt	78	64	82	64	58	43	94	46

* Zu weiteren 14 Vorkommen wurden durch den Auftragnehmer aktuelle Daten des FFH-Monitoring übermittelt (siehe Anhang V).

Bei 312 der 322 ausgewählten Fundorte fanden Präsenzkotrollen statt. Bei 217 Fundorten konnte eine Wildsellerie-Art im Jahr 2015 oder 2016 bestätigt werden (Tab. 3; Abb. 11). Damit war die Auswahl von mindestens 102 Vorkommen für die weitere Bearbeitung möglich.

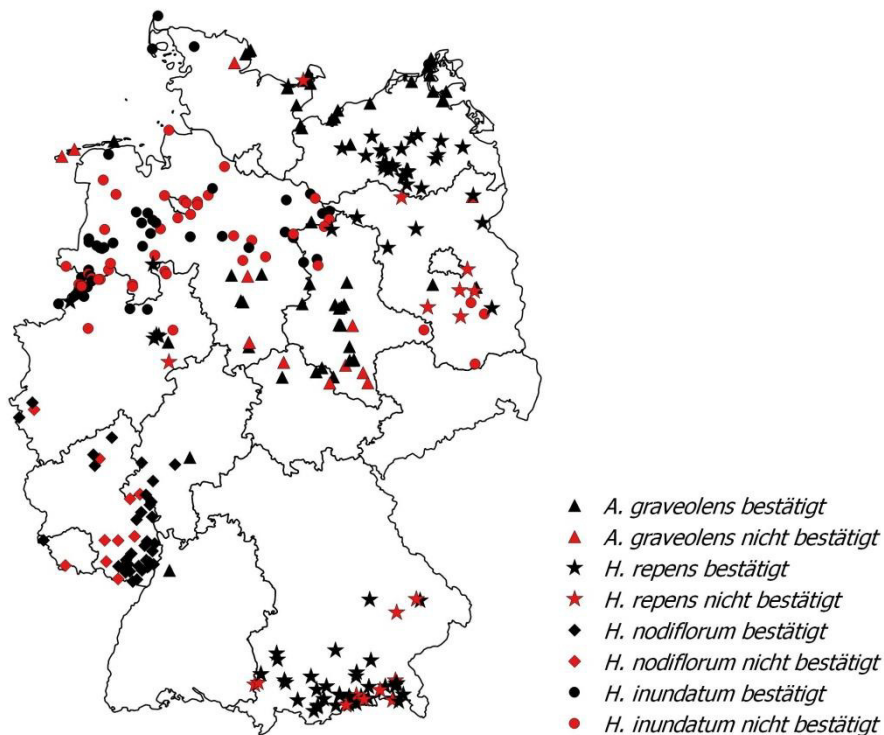


Abb. 11: Überblick über im Jahr 2015 oder 2016 bestätigten (schwarz) und nicht bestätigten Fundorte von *Apium graveolens* und den *Helosciadium*-Arten in Deutschland (Karte: © GeoBasis-DE / BKG 2016).

6.1.4.1 Überblick zu den bestätigten Vorkommen

6.1.4.1.1 *Apium graveolens* (Echter Sellerie)

A. graveolens konnte an 64 der 78 kontrollierten Fundorte bestätigt werden. Bei einigen Fundorten wurden Teilvorkommen separat erfasst, so dass 88 Datensätze vorliegen. Die meisten bestätigten Fundorte der Art befanden sich im Brackwasser-beeinflussten Röhricht oder auf Salzgrünland in Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein (pers. Mitt. C. Martin und H. Grell, 2015; Ringel, 2017) und sowie an Binnensalzstellen in Sachsen-Anhalt (Krumbiegel et al., 2015). Ringel (2017) stellte fest, dass die Art im Bereich der Küste von Mecklenburg-Vorpommern offene dem Meer zugewandte Strände meidet und nur an den Ufern der Bodden und Buchten, rückwärtig der offenen Meerestgewässer vorkommt und vermutete, dass *A. graveolens* Schutz in lückigen Röhrichtern sucht, obwohl die Art grundsätzlich Dynamik und Rohboden benötigt. Das würde erklären, warum sie überwiegend in den Gebieten zwischen Westrügen und Hiddensee, den Boddengewässern zwischen Stralsund und den Gewässern bei Dassow und um Rerik sowie Poel gefunden wurde und die weniger salzhaltigen Abschnitte der Boddenketten vom Darß-Fischland, Großer und Kleiner Jasmunder Bodden und die rückwärtigen Gewässer der Insel Usedom scheinbar gemieden werden (Ringel, 2017). *A. graveolens* war nicht wie erwartet zwangsläufig an niedriges und schütteres Schilf gebunden, sondern kam auch in hohen dichten Brackwasserschilfröhrichtern vor. Als Voraussetzung für Vorkommen in hohen Röhrichtern vermutete Ringel (pers. Mitt. 2015; 2017) Wildtier- oder

Anglerpfade sowie eine stark lückige Bodenvegetation und stellte fest, dass die Art Beschattung gut toleriert, jedoch offenen Boden zum Keimen benötigt.

Thüringen und Niedersachsen verfügten nur über einige wenige Bestände (pers. Mitt. M. Leweke, T. Herden, P. Ferderer, 2015; Krumbiegel et al., 2015). In Brandenburg, Hessen und Baden-Württemberg befanden sich jeweils nur noch ein oder maximal zwei Vorkommen (pers. Mitt. D. Hanspach, K. Hemm, P. Thomas, 2015). Einige wenige Exemplare der Art konnten auf der ostfriesischen Insel Spiekeroog gesichtet werden (per. Mitt. T. Herden, 2015). Abseits der Küsten wurde *A. graveolens* sowohl an natürlichen als auch an sekundären Binnensalzstellen mit salzbeeinflusstem Grünland oder Sohlgräben gefunden. Die Standorte waren Böschungen von Gewässern, Wiesen, Weiden oder Röhrichte. Die meisten Fundorte waren feucht bis nass und zeitweise überschwemmt oder quellig durchsickert und licht oder teilweise licht. Seltener waren die Böden nur mäßig feucht oder nie überschwemmt und der Standort überwiegend beschattet. Das höchste erfasste Vorkommen befand sich 228 m ü. NN. Die Flächenausdehnung der Bestände betrug häufig um 100 m², aber auch bis zu 0,3 ha. Bei wenigen Vorkommen war die besiedelte Fläche größer. Ein Viertel der Vorkommen besteht aus weniger als 30, ein weiteres Viertel aus 30 bis 100 und ein drittes Viertel aus 100 bis 500 Exemplaren. Nur einige wenige Vorkommen in Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Sachsen-Anhalt und Niedersachsen verfügen über mehreren tausend Exemplare. Die Angaben sind auch davon abhängig, ob nahe beieinanderliegende Bestände getrennt oder zusammen erfasst wurden. An fast sämtlichen Fundorten blühten oder fruchteten die Selleriepflanzen und es wurde eine mittlere bis hohe Vitalität festgestellt. Der Großteil der Bestände befindet sich auf geschützten Flächen. Hervorzuheben ist der hohe Anteil von Fundorten in FFH-Gebieten und NSG. Ein Teil der Ostsee-Standorte und wenige im Innenland wurden beweidet, überwiegend durch Rinder. Eine geringe Anzahl von Fundorten wurde mindestens sporadisch gemäht. Bei vielen Vorkommen im Binnenland, aber auch einigen an der Ostseeküste, konnte keine Bewirtschaftung oder Pflege festgestellt werden – war aber auch nicht auszuschließen. Reicht die natürliche Dynamik am Standort nicht aus, kann das Extinktionsrisiko für einen Bestand zunehmen, weil *A. graveolens* durch konkurrenzstärkere Arten verdrängt wird. Dies trifft in der Regel auch auf die gemähten oder beweideten Vorkommen zu, falls deren Bewirtschaftung eingestellt wird. Ringel (2017) stellte für Mecklenburg-Vorpommern fest, dass die früheren Fundorte in extensiven Salzgrünländern zurückgegangen sind und vermutet, dass sich durch das Brachfallen die lückigen Randbereiche der Nutzflächen mitunter zu dichten Röhrichten oder Brackwasser-beeinflussten Hochstaudenfluren entwickelt haben. Dadurch bieten nur noch die Nischen im Bereich der Mittelwasserlinie ausreichend offenen Boden und lichtere Verhältnisse um ein Keimen und Heranwachsen von *A. graveolens* zu ermöglichen.

Fast alle Vorkommen in Schleswig-Holstein befinden sich auf Flächen einer Naturschutzstiftung. Für die anderen Fundorte sind die Eigentümer- und Nutzerverhältnisse sehr unterschiedlich. Fundorte befinden sich z. B. auf Gemeindegrundstücken oder im Privatbesitz.

6.1.4.1.2 *Helosciadium repens* (Kriechender Sellerie)

Die Präsenz von *H. repens* konnte an 64 der 82 kontrollierten Fundorte festgestellt werden. Da mitunter mehrere Bestände im Bereich eines Fundortes erfasst wurden, liegen 81 Datensätze vor. Viele der bestätigten Fundorte sind den Häufungszentren im Süden und im Nordosten Deutschlands zuzuordnen: Die meisten Fundorte befanden sich in Bayern flutend in Fließgewässern oder in Sümpfen oder auf extensiv beweidetem Grünland. Die Art kam dort in Höhenlagen zwischen 300 und 1140 m ü. NN vor (pers. Mitt. A. und I. Wagner, 2016). Bei den anderen Vorkommen blieb *H. repens*

unterhalb einer Höhe von 100 m: Im Gebiet der Mecklenburgischen Seenplatte und Gewässer in Brandenburg kam die Art an quelligen Standorten, auf extensiv beweidetem Feuchtgrünland, Nasswiesen oder Frischweiden bzw. Überflutungsstandorten vor, mitunter auch in als Liegewiese oder Trittsfläche genutzten Schurrasen an Gewässerufern (pers. Mitt. H. Ringel, D. Hanspach, 2015; Ringel, 2017). Die Erfassungen der Art in Mecklenburg-Vorpommern über die Jahre vergleichend, erkannte Ringel (2017) ein Schrumpfen des Areals in allen Himmelsrichtungen; so war *H. repens* in den Flusstalmooren der Uecker und Warnow früher weiterverbreitet. Ringel (pers. Mitt., 2015) vermutete, dass u. a. die breitere Nutzung von Grenzertragsstandorten wie grundfeuchten Nasswiesen oder Quellmoorwiesen eine Rolle gespielt haben könnte. Mit der Öffnung von Seeufern als Tränke für Weidetiere entstand die Möglichkeit von nassen Trittsfluren und Rohboden.

In Nordrhein-Westfalen existierten nur einige wenige Vorkommen, vor allem auf mit Schafen extensiv beweideten Nass- und Feuchtweiden (pers. Mitt. U. Meyer-Spethmann, 2015). In Schleswig-Holstein gab es neben einem natürlichen Vorkommen, welches auf Anordnung der Naturschutzbehörde im GE-Sell-Projekt nicht bearbeitet wurde, einige wiederangesiedelte (pers. Mitt. C. Martin und H. Grell, 2015). In Sachsen-Anhalt und Niedersachsen konnte jeweils ein Vorkommen von *H. repens* (pers. Mitt. T. Herden, 2015; Krumbiegel et al., 2015) bestätigt werden, wobei mittlerweile in Niedersachsen wenige weitere bekannt sind (pers. Mitt. F. Apffelstaedt, 2019).

Bei den erfassten Beständen befinden sich die mit den größeren Ausdehnungen (0,1 bis 2 ha) überwiegend in Bayern (pers. Mitt. A. und I. Wagner, 2016). Neben einem 1,7 ha großen Bestand sind die Vorkommen in Mecklenburg-Vorpommern mit 1 m² bis rund 0,4 ha (pers. Mitt. H. Ringel 2015) oft kleiner. In beiden Häufungszentren gibt es sowohl sehr bestandschwache als auch -starke Vorkommen (pers. Mitt. H. Ringel, 2015; pers. Mitt. A. und I. Wagner, 2016). Die bestätigten Funde in Schleswig-Holstein, Niedersachsen und teils in Nordrhein-Westfalen waren vergleichsweise reich an Exemplaren (pers. Mitt. C. Martin und H. Grell, T. Herden, U. Meyer-Spethmann, 2015). Bei gut einem Drittel der Vorkommen wurden 1 bis 5 m² mit *H. repens* bedeckt, bei einem weiteren Drittel wurden mehr als 5 m² bedeckt. Die aquatischen Vorkommen blühten oder fruchteten in der Regel nicht (pers. Mitt. A. und I. Wagner, 2016) – im Gegensatz zu den terrestrischen, die auf mäßig feuchten bis nassen Standorten zu finden waren. Mit Ausnahme einiger Vorkommen in Bayern waren die Standorte überwiegend licht. Bei einem Großteil der Fundorte kamen nährstoffanzeigende Pflanzen vor, bei einigen Vorkommen, insbesondere in Bayern, sogar auf mehr als einem Viertel der Wuchsfläche. Ungeeignete hydrologische Bedingungen des Standorts, eine zu niedrige oder hohe Störungsintensität, Eutrophierung und die Überlagerung mit Mahdgut durch Mulchen stellten Beeinträchtigungen dar (pers. Mitt. T. Herden, U. Meyer-Spethmann, H. Ringel, 2015; pers. Mitt. A. und I. Wagner 2016) Der Großteil der Bestände befand sich bereits auf geschützten Flächen. Wie bei *A. graveolens* ist der hohe Anteil von Fundorten in FFH-Gebieten und NSG hervorzuheben. Die Wuchsflächen befanden sich u. a. auf Gemeindegrundstücken und im Besitz von Landwirten, die häufig die Fläche selbst bewirtschaften.

6.1.4.1.3 *Helosciadium nodiflorum* (Knotenblütiger Sellerie)

H. nodiflorum konnte an 43 der 58 kontrollierten Fundorte bestätigt werden. Die Art wurde stets flutend in Bächen oder Gräben oder an deren Böschung und überwiegend in Rheinland-Pfalz gefunden (pers. Mitt. P. Thomas und C. Weingart, 2015). In Hessen und Nordrhein-Westfalen wurden drei bzw. zwei Vorkommen und im Saarland ein Vorkommen bestätigt (pers. Mitt. K. Hemm, U. Meyer-Spethmann, 2015; pers. Mitt. P. Thomas, 2016). Im Saarland und Baden-Württemberg ist von einigen wenigen weiteren Beständen auszugehen, die im Rahmen des GE-Sell-Projekts nicht

kontrolliert wurden. Die bestätigten Fundorte der Art lagen in einer Höhe von rund 50 bis 300 m ü. NN. Die erfassten Bestände sind in ihrer Ausdehnung eher klein (max. 200 m²). Dies kann aber auch durch eine eher kleinräumige Erfassung durch die Kartierer begründet sein. Die Bestände wurden aus nur wenigen Exemplaren bis hin zu rund 1500 Pflanzen gebildet. Fast an jedem Fundort waren die Pflanzen vital und es konnten Blüten oder Früchte festgestellt werden. Die meisten Standorte waren vollständig licht oder maximal zur Hälfte beschattet. Nur wenige Fundorte waren stärker beschattet. Sich in der Regel in und an Gräben und Bächen befindend, waren die Standorte meist ohne Nutzung. Nur einige wenige wurden extensiv beweidet. An vielen Fundorten wurden Konkurrenzarten hingegen durch Grabenreinigung bzw. Gewässerunterhaltung zurückgedrängt, was sich positiv auf die Bestände auswirkte, sofern sie nicht selbst entfernt wurden (pers. Mitt. P. Thomas und C. Weingart, 2015). Im Verhältnis zu den anderen drei Zielarten wurde *H. nodiflorum* etwas weniger häufig in Schutzgebieten gefunden. Neben FFH-Gebieten sind dies das Biosphärenreservat und der Naturpark Pfälzerwald. Nur zwei Vorkommen befinden sich in einem NSG.

Die Bestände sind durch eine starke Eutrophierung (Hypertrophierung) der Gewässer und Gewässerränder gefährdet. Dadurch können typische Nährstoffanzeiger, wie z. B. Brennessel, Brombeere, Schilf und Kleblabkraut den Böschungsbereich dominieren und die Art zurückdrängen. Weitere Gefährdungen ergeben sich durch eine zu starke Beschattung von uferbegleitenden Gehölzen – z. B. Grauweidengebüsche –, eine invasive Ausbreitung und Verdrängung durch den Neophyten *Impatiens glandulifera* (Drüsiges Springkraut) oder durch Fraßschäden an *H. nodiflorum* durch die Spanische Nacktschnecke.

6.1.4.1.4 *Helosciadium inundatum* (Flutender Sellerie)

H. inundatum wurde nur an 46 der 94 kontrollierten Standorte bestätigt. Zu den mitunter als Teilvorkommen erfassten Beständen liegen 54 Datensätze vor. Die meisten Vorkommen von *H. inundatum* konnten im westlichen und südwestlichen Niedersachsen und nordwestlichen Nordrhein-Westfalen bestätigt werden. Zwei Vorkommen waren auf Nordfriesischen Inseln und eines auf dem Schleswig-Holsteinischen Festland zu finden (pers. Mitt. M. Leweke, T. Herden, P. Ferderer, U. Meyer-Spethmann, C. Martin und H. Grell, 2015). In Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt existierte nur noch jeweils ein Bestand (Krumbiegel et al., 2015; Ringel, 2017). Vorkommen in Brandenburg konnten nicht mehr bestätigt werden (pers. Mitt. D. Hanspach, 2015). Der Bestand in Mecklenburg-Vorpommern war durch erhebliche Pflegemaßnahmen, wie Entschlammungs- und Pflegearbeiten über mehrere Jahre, und großen persönlichen Einsatz der Biologischen Station Hiddensee erst im Jahr 2013 wiederbelebt worden und wies im September 2015 mehrere Keim- und Jungpflanzen auf (Ringel, 2017).

Die Art wurde stets in oder an kleinen Stillgewässern gefunden, die mitunter temporär austrocknen. Bei knapp einem Viertel der Bestände wurden sehr wenigen Exemplare festgestellt, so dass weniger als 0,3 m² der Wuchsfläche durch *H. inundatum* bedeckt war. Bei einem guten Drittel wurden zwischen 0,3 und 5 m² bedeckt. Rund 40 % der Vorkommen verfügten über viele Exemplare, so dass mehr als 5 m² bedeckte Fläche erfasst wurde. Im Vergleich zu den anderen Arten wurden nur bei relativ wenigen Fundorten Blüten oder Früchte an den Pflanzen festgestellt und deutlich mehr Bestände, jedoch weniger als die Hälfte, wiesen nur eine geringe Vitalität auf. Der Boden war stets feucht bis nass und zeitweise überschwemmt oder quellig durchsickert. Die Standorte waren in der Regel voll besonnt, einige geringfügig beschattet und nur wenige befanden sich zu mehr als der Hälfte im Schatten. Die Wuchsflächen lagen größtenteils in geschützten Flächen, u. a. auch in FFH-Gebieten und NSG. Rund die Hälfte der Fundorte wurde beweidet oder gemäht. Bei einigen anderen

erfolgten sporadische Pflegemaßnahmen. Bei einem nicht unerheblichen Anteil an Fundorten war keine Nutzung oder Pflege erkennbar. Insbesondere Eutrophierung und das Voranschreiten von Sukzession können die Vorkommen gefährden (pers. Mitt. M. Leweke, T. Herden, P. Ferderer, U. Meyer-Spethmann, C. Martin und H. Grell, 2015).

6.1.5 Bewertung und Auswahl bestätigter Vorkommen für genetische Analysen und für die Erfassung weiterer Daten

Auf Basis der erhobenen Daten wurde mittels Kriterien die grundsätzliche Eignung der Wildsellerie-Vorkommen für ein Netzwerk von GenEG bewertet. Demnach wurden 28 *A.-graveolens*-, 28 *H.-repens*-, 27 *H.-nodiflorum*- und 25 *H.-inundatum*-Vorkommen für die weitere Eignungsprüfung, insbesondere für die genetische Analyse, ausgewählt. Eine kurze Begründung zur Auswahl der insgesamt 108 Vorkommen befindet sich im Anhang V. Die Anzahl je Art übersteigt die Planung um mindestens ein Vorkommen, um eventuelle Ausfälle bei der Feldarbeit bzw. genetischen Analyse kompensieren zu können. Die ausgewählten Vorkommen sind in Anhang V und Abb. 12 dargestellt.

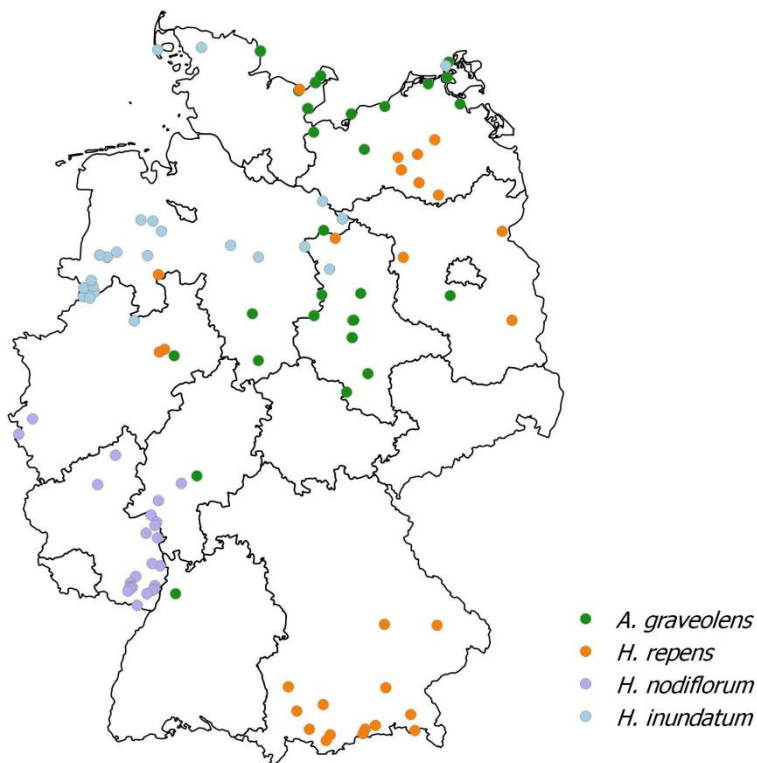


Abb. 12: Überblick über die zur weiteren Bearbeitung ausgewählten Wildsellerie-Vorkommen der Gattungen *Apium* und *Helosciadium* (Karte: © GeoBasis-DE / BKG 2016).

6.1.6 Entnahme von Blattmaterial für genetische Analysen und Erfassung weiterer Daten zum Vorkommen

Zu fast sämtlichen ausgewählten Vorkommen wurde die Erlaubnis im beantragten Umfang (Betreten der Fläche sowie Entnahme von Blattmaterial, eines Herbarbelegs und von Saatgut) erteilt. Häufig waren die Genehmigungen mit der Auflage verbunden, die erhobenen Daten zur Verfügung zu stellen. Bei einigen Vorkommen wurde die Probenahme an bestimmte Bedingungen geknüpft, z. B. Bearbeitung des Vorkommens vor Ort nur in Anwesenheit des Gebietsbetreuers, der das momentane

Extinktionsrisiko des Vorkommens bewertet. Dementsprechend fand beim *H.-inundatum*-Vorkommen auf Hiddensee vor Ort eine Gefährdungsbeurteilung statt, bei der festgestellt wurde, dass die Sammlung von Blattmaterial mehrerer Exemplare untersagt ist. Lediglich ein Exemplar wurde als Herbarbeleg entnommen. Für das *A.-graveolens*-Vorkommen bei Ubstadt-Weiher wurde keine Genehmigung erteilt. Ersatzweise konnten hier die zum Vorkommen angelegte Erhaltungskulturen des Botanischen Gartens der Universität Tübingen und des Karlsruher Institut für Technologie (KIT) beprobt werden. Ein Herbarbeleg konnte zu diesem Vorkommen nicht angelegt werden. Bei zwei Vorkommen konnte die jeweilige Wildsellerie-Art im Jahr 2016 nicht wiedergefunden werden: 1) Der Standort des *H.-nodiflorum*-Vorkommens bei Spiesberg in Rheinland-Pfalz wurde im Frühjahr 2016 durch einen Grabenneubau mit Blocksteinen grundlegend verändert. Eine Wiederbesiedlung ist eher unwahrscheinlich (pers. Mitt. P. Thomas, 2016). 2) Das *H.-inundatum*-Vorkommen bei Gorleben in Niedersachsen wurde im Jahr 2016 durch einen anderen Kartierer aufgesucht, als im Jahr zuvor. Statt *H. inundatum* wurden vor Ort lediglich Jungpflanzen von *Oenanthe fistulosa* gefunden, die *H. inundatum* in der Wuchsform ähnelten und im Vorjahr vermutlich mit der Wildsellerie-Art verwechselt worden waren (pers. Mitt. A. Krumbiegel, 2016).

Bei sieben weiteren Vorkommen mit einer bei der Begehung geringen Bestandsgröße wurde auf die Entnahme eines Herbarbelegs verzichtet und es wurden keine oder für die genetische Analyse nur ungenügende Blattproben gesammelt. Bei acht *H.-repens*-Vorkommen zeigte die Überprüfung der DNA-Qualität des gesammelten Blattmaterials, dass die Proben die für die genetische Analyse erforderliche Qualität nicht aufwiesen. Es handelte sich dabei überwiegend um aquatische Vorkommen aus Bayern. Der Grund dafür war vermutlich ein zu langsames oder durch zu hohe Temperaturen bewirktes Trocknen des sehr feuchten bis nassen Blattmaterials und der dadurch verursachten DNA-Degeneration. Von diesen Vorkommen wurden im August 2017 erneut Blattproben entnommen.

Bei zwei weiteren Wildsellerie-Vorkommen war die Sammlung eines Herbarbelegs aus organisatorischen Gründen nicht möglich. Von *H. inundatum* und *H. repens* wurde durch die sehr zierliche Wuchsform die ausreichende Blattmenge i. d. R. nur knapp erreicht. Bei kleinen dicht besiedelten Vorkommen gelang die Einhaltung von Abständen zwischen beprobten Exemplaren häufig nicht, so dass nicht ausgeschlossen werden kann, dass Blattmaterial von verschiedenen Ausläufern desselben Individuums gesammelt wurde.

Insgesamt wurden Wildsellerie-Exemplare zu 96 Vorkommen in das Herbarium der Abteilung Botanik der Universität Osnabrück eingelagert und bei 98 Vorkommen (27 von *A. graveolens*, 27 von *H. repens*, 24 von *H. nodiflorum* und 21 von *H. inundatum*) war die Entnahme von ausreichend Blattmaterial für genetische Analysen möglich.

6.1.7 Genetische Analysen zu Wildsellerie-Vorkommen

Am Beispiel von *A. graveolens* wird ausführlich über die unterschiedlichen Auswertungsverfahren und die daraus resultierenden Ergebnisse berichtet. Die Zuordnung der im Zusammenhang mit den genetischen Analysen verwendeten Labor-IDs zu den Vorkommen ist dem Anhang VI zu entnehmen.

6.1.7.1 Genetische Analysen zu *Apium graveolens*

Auf der Grundlage eines Screenings mit drei *A.-graveolens*-Vorkommen wurde für die genetischen Analysen von insgesamt 27 Vorkommen (Vorkommen mit Labor-ID im Anhang VI) ein Set aus 16 polymorphen SSR-Markern zusammengestellt. Weitere Informationen zu den Markern sowie alle

Primärdaten sind bei Nachtigall et al. (2018) in einem Open Agrar Repository veröffentlicht (<https://doi.org/10.5073/20180820-154547>).

Die Anzahl detektierter Allele schwankt zwischen vier (Fn09) und 18 (ECMS06, QC43). Es wurden PIC-Werte zwischen 0,042 (Fn100) und 0,803 (ECMS39) generiert. Beide Marker zeigten auch die geringste bzw. größte allelische Diversität (Tab. 4) Daraus ist zu entnehmen, dass die selektierten Marker sehr gut für Diversitätsstudien geeignet sind.

Tab. 4: Locus-spezifische Parameter für *Apium graveolens*

Locus	Anzahl Individuen	Anzahl Allele	PIC ¹⁾	Allelische Diversität (H_e)
ECMS01 ²⁾	790	7	0,733	0,769
ECMS11	790	9	0,774	0,801
ECMS13	790	8	0,193	0,203
ECMS02	790	8	0,434	0,502
ECMS23	790	8	0,384	0,442
ECMS39	790	13	0,803	0,826
ECMS06	790	18	0,774	0,799
ECMS09	790	8	0,457	0,556
Fn09 ³⁾	790	4	0,109	0,112
Fn100	790	6	0,042	0,042
Fn62	790	8	0,163	0,169
QC28 ⁴⁾	790	6	0,734	0,772
QC43	790	18	0,641	0,667
QC53	790	5	0,286	0,310
QC75	790	7	0,432	0,538
QC86	790	5	0,364	0,399

¹⁾ Polymorphic Information Content nach Botstein et al. (1980)

²⁾ Acquadro et al. (2006)

³⁾ Fu et al. (2013)

⁴⁾ Fu et al. (2014)

Die Prüfung, ob sich die Allelfrequenzen im HWG befinden, ergab, dass von 432 Vorkommen x Marker-Kombinationen (27 Vorkommen, 16 Marker) bei 208 Kombinationen eine signifikante Abweichung vom HWG vorlag. Nur 81 Kombinationen zeigten keine statistische Abweichung vom HWG und bei 143 Kombinationen war aufgrund der Datenlage (homozygote Allele) eine statistische Auswertung nicht möglich.

Mit der DAPC wurde die Varianz im Datensatz visualisiert (Abb. 13). Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelpflanze dar, deren Allel-Zusammensetzung mithilfe von SSR-Markern charakterisiert wurde. Die Farben kennzeichnen die naturräumliche Herkunft der Pflanzen (3. Ordnung nach Meynen et al., 1962). Pflanzen mit gleichen Symbolen formen mehr oder minder abgegrenzte Gruppen, die den Standorten eindeutig zugeordnet werden können (Beispiel: AgDA, Labor-ID des Vorkommens bei Barth in Mecklenburg-Vorpommern), blaue Punktwolke im oberen Abschnitt der vertikalen Zentrallinie). Neben drei deutlich abgegrenzten Vorkommen (AgG, AgUW, AgFEH) ist eine von Binnenland-Vorkommen (rechter Punkteschwarm) dominierte Gruppe und eine mit überwiegend küstennahen Vorkommen (linker Punkteschwarm) zu erkennen. Die Individuen innerhalb der Binnenland- bzw. küstennahen Vorkommen gleichen somit einander stärker als Individuen aus dem jeweils anderen Punkteschwarm.

Abb. 14 illustriert die Verwendung des Distanzmaßes Δ für die Auswahl von Vorkommen. Bei *A. graveolens* ist die mittlere genetische Differenzierung gering ($\Delta_{SD} = 0,3688$). Die genetische

Zusammensetzung des Vorkommens bei Staßfurt (AgHEC) zeigt die beste Übereinstimmung mit der Zusammensetzung seines Komplements ($\Delta_{SD(AgHEC)} = 0,251$) und repräsentiert die genetische Diversität der übrigen 26 Vorkommen am besten. Bei Helmstedt wurde das Vorkommen (AgWA) mit dem höchsten $\Delta_{SD(j)}$ ($\Delta_{SD(AgWA)} = 0,478$) gefunden. Es unterscheidet sich von seinem Komplement am stärksten, was als genetische Signatur einer spezifischen Anpassung interpretiert werden kann. Beide Vorkommen sind somit für die Einrichtung eines GenEG von besonderem Interesse. Im Uhrzeigersinn verringert sich der $\Delta_{SD(j)}$ -Wert. Im Schneckendiagramm aneinander angrenzende Vorkommen unterscheiden sich nur geringfügig in ihrem Beitrag zur genetischen Diversität der Gesamtheit.

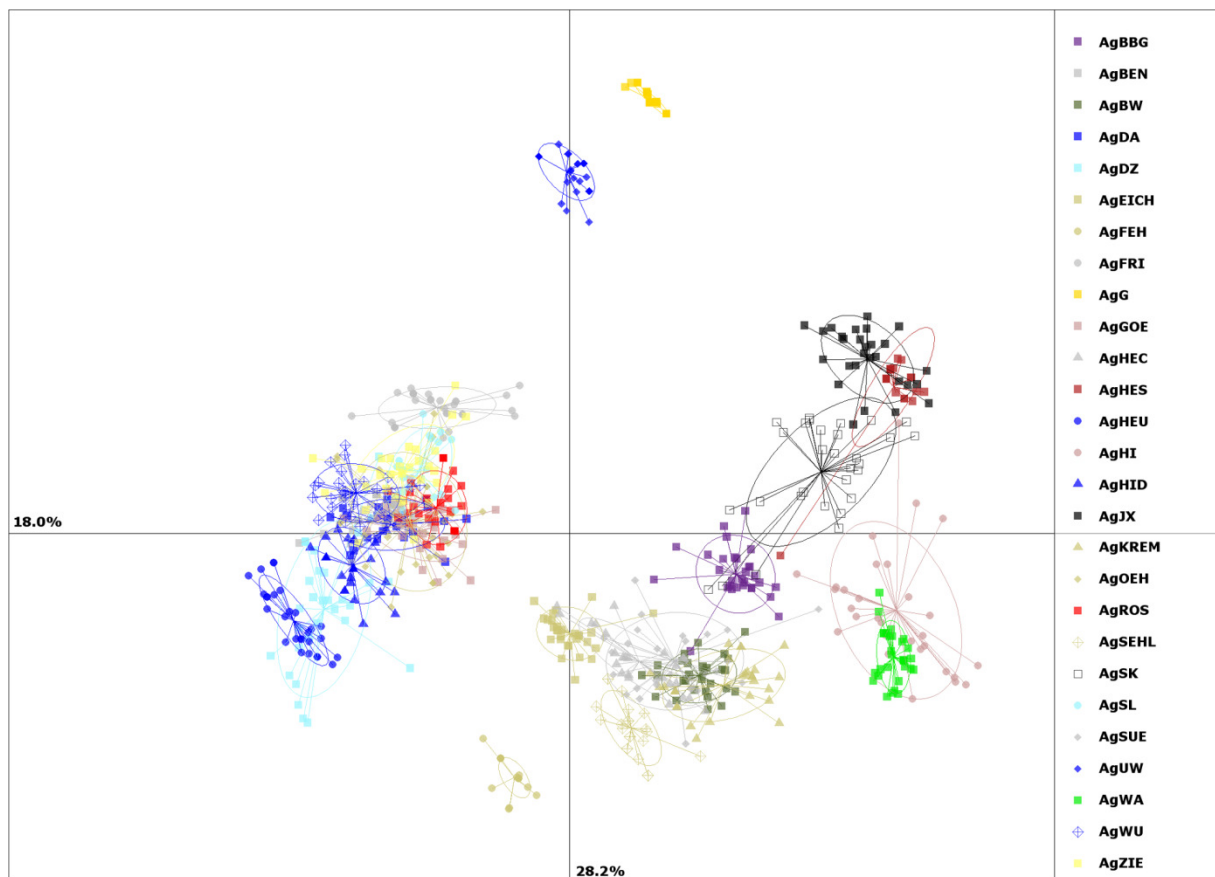


Abb. 13: Ergebnis einer Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; Jombart, 2008) bei *Apium-graveolens*-Vorkommen (Zuordnung der Labor-IDs zu Vorkommen entsprechend Anhang VI; Frese et al., 2018b).

Der F_{IS} -Index lag zwischen $-0,167$ (Vorkommen AgG) und $0,558$ (Vorkommen AgFRI), wobei ein negativer Wert einen Überschuss an Heterozygoten und ein positiver Wert einen Überschuss an Homozygoten innerhalb des Vorkommens anzeigt. Fünf der 27 Vorkommen zeigen einen Überschuss an Heterozygoten, während 22 durch einen Überschuss an Homozygoten gekennzeichnet sind (Tab. 5). Das Vorkommen bei Staßfurt (AgHEC) zeigt mit einem F_{IS} -Index von $0,231$ einen Überschuss an homozygoten Exemplaren an und ist ein Hinweis auf eine genetische Einengung des Vorkommens z. B. als Folge von Auslöschungs- und Wiederansiedelungsvorgängen. Sollte im Rahmen künftiger genetischer Monitoring der F_{IS} -Wert weiter zunehmen, müssten Maßnahmen zur Förderung der Fremdbefruchtung in Betracht gezogen werden. Detaillierte Ausführungen zur genetischen Diversität bei *A. graveolens* sind unter Frese et al. (2018b) veröffentlicht.

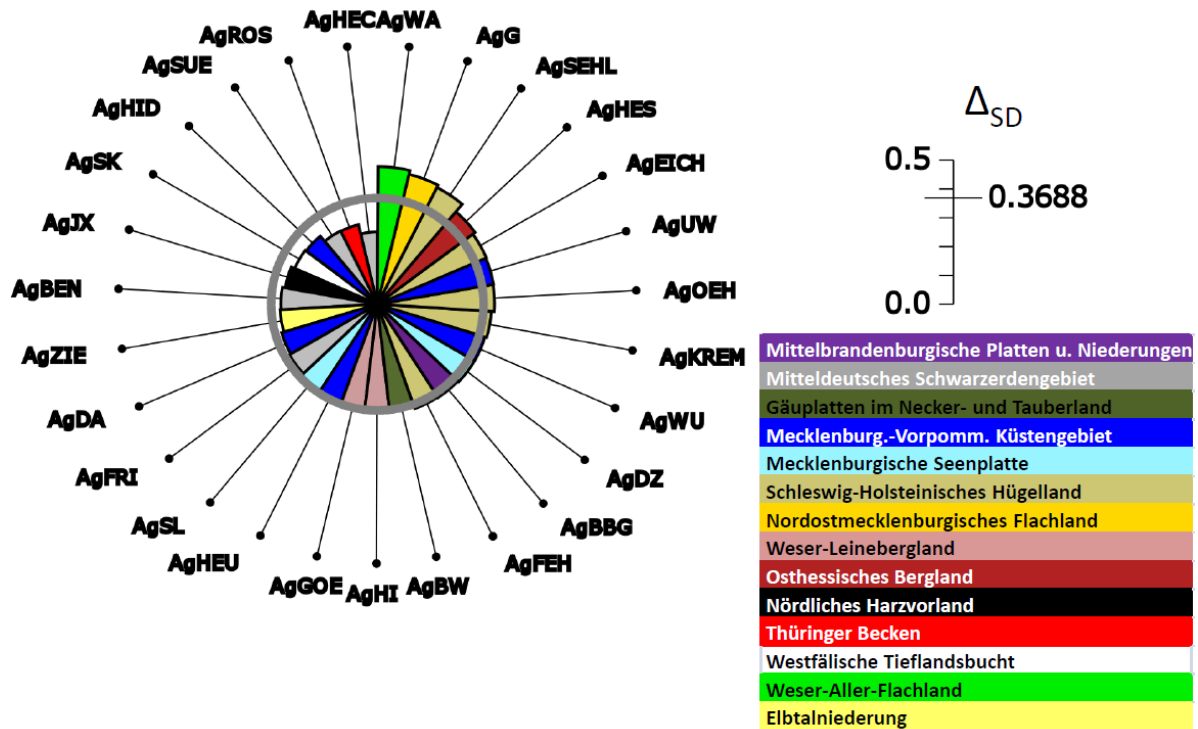


Abb. 14: Genetische Differenzierung von 27 *Apium-graveolens*-Vorkommen, analysiert mit 16 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Jedes Segment stellt ein Vorkommen dar. Die Schenkellänge eines Segments entspricht dem Distanzmaß $\Delta_{SD(j)}$ des Vorkommens j als Maß für die genetische Distanz des Vorkommens zu der gepoolten Gesamtheit der anderen Vorkommen der Art. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar. Farben kennzeichnen die unterschiedlichen Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962). Labor-IDs kennzeichnen die Vorkommen entsprechend Anhang VI.

Tab. 5: F_{IS} -Index über 16 Marker für jedes *Apium-graveolens*-Vorkommen mit einer Labor-ID entsprechend Anhang VI

Labor-ID	AgBBG	AgBEN	AgBW	AgDA	AgDZ	AgEICH	AgFEH
F_{IS}	0,043	-0,145	0,151	0,43	0,436	0,377	-0.016
Labor-ID	AgFRI	AgG	AgGOE	AgHEC	AgHES	AgHEU	AgHI
F_{IS}	0,558	-0,167	0,363	0,231	0,441	-0,006	0,099
Labor-ID	AgHID	AgJX	AgKREM	AgOEH	AgROS	AgSEHL	AgSK
F_{IS}	0,39	0,174	0,338	0,444	0,265	0,508	0,054
Labor-ID	AgSL	AgSUE	AgUW	AgWA	AgWU	AgZIE	
F_{IS}	0,137	0,353	0,348	-0,08	0,49	0,14	

6.1.7.2 Genetische Analysen zu den *Helosciadium*-Arten

Da bei den genetischen Analysen vorrangig die genetische Diversität und Differenzierung (Distanzmaß Δ) für die Auswahl eines GenEG ausschlaggebend war, erfolgt die Darstellung der Ergebnisse für die *Helosciadium*-Arten auf Basis von DifferINT.

6.1.7.2.1 Genetische Analysen zu *Helosciadium repens*

Auf der Grundlage eines Screenings mit drei *H. repens*-Vorkommen wurde für die genetischen Analysen von insgesamt 27 Vorkommen (Vorkommen mit Labor-ID im Anhang VI) ein Set aus sechs polymorphen SSR-Markern zusammengestellt. Die Anzahl Allele pro Locus variiert von vier (AXM0105) bis neun (AXM0081) und schwankt innerhalb einer Population von sechs bis 21 Allelen. Der Marker AXM0087 zeigte mit 0,2756 die geringste und AXM0090 mit 0,6389 die größte allelische Diversität.

Von den 162 Vorkommen x Marker-Kombinationen (27 Vorkommen, sechs Marker) konnten bei 49 eine signifikante Abweichung vom HWG festgestellt werden. 59 Kombinationen zeigten keine Abweichung vom HWG und bei 54 Kombinationen waren die Marker monomorph. Damit ist belegt, dass sich die überwiegende Anzahl von Vorkommen nicht im HWG befinden.

Von den 27 analysierten Vorkommen zeigten zehn ein Überschuss an heterozygoten Individuen, während 15 Vorkommen ein Übermaß an Homozygotie aufwiesen (positive F_{IS} -Werte, Tab. 6). Der hohe Homozygotie-Anteil resultiert wahrscheinlich aus Selbstbefruchtung oder einer bevorzugten Paarung innerhalb von Halb- oder Vollgeschwisterfamilien (Inzucht).

Tab. 6: Parameter der genetischen Analyse für jedes *Helosciadium repens*-Vorkommen (Labor-ID entsprechend Anhang VI, H_0 = beobachtete Heterozygotie, H_e = erwartete Heterozygotie, F_{IS} = Fis-Index nach Weir und Cockerham (1984), $\Delta_{SD(j)}$ = genetische Differenzierung mit $0 < \Delta_{SD(j)} < 1$ zwischen den Vorkommen; modifiziert nach Herden et al., 2020)

Labor ID	Anzahl Individuen	Allele	Mittlere H_0	Mittlere H_e	F_{IS}	$\Delta_{SD(j)}$
1R	27	16	0,093	0,167	0,462	0,3884
2R	28	14	0,250	0,253	0,028	0,3600
3R	29	11	0,201	0,171	-0,163	0,3750
4R	7	12	0,214	0,274	0,289	0,3136
5R	25	11	0,013	0,039	0,667	0,4470
7R	26	8	0,006	0,019	0,667	0,3064
8R	30	11	0,089	0,094	0,066	0,4104
9R	30	12	0,106	0,130	0,206	0,2798
10R	29	7	0,023	0,021	-0,057	0,3798
11R	30	10	0,028	0,027	-0,01	0,2952
12R	26	8	0,026	0,024	-0,031	0,3409
13R	30	6	0,000	0,000	NA	0,4394
14R	15	11	0,044	0,083	0,491	0,3598
15R	29	19	0,448	0,501	0,122	0,2829
16R	30	9	0,178	0,155	-0,13	0,3155
17R	28	16	0,274	0,352	0,240	0,3914
18R	27	17	0,321	0,310	-0,016	0,2498
19R	30	10	0,383	0,260	-0,464	0,3617
20R	29	10	0,172	0,178	0,047	0,2966
21R	30	13	0,339	0,284	-0,177	0,4754
22R	29	14	0,247	0,266	0,089	0,4902
23R	30	7	0,006	0,005	0	0,4161
24R	29	12	0,310	0,191	-0,617	0,3136
25R	28	13	0,512	0,301	-0,69	0,3845
26R	29	21	0,420	0,586	0,301	0,3420
27R	26	18	0,340	0,439	0,245	0,2680
28R	9	14	0,296	0,320	0,132	0,3732

Die DAPC ergab, dass die sechs identifizierten Cluster gut mit der geographischen Herkunft der Vorkommen übereinstimmen; eine Gruppierung in Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962) wurde nicht nachgewiesen. Es konnte aber eine klare Trennung zwischen nördlichen und südlichen Populationen beobachtet werden, wobei die Populationen im Süden eine höhere genetische Diversität aufweisen. Bei *H. repens* ist die mittlere genetische Differenzierung gering ($\Delta_{SD} = 0,3455$). Die genetische Zusammensetzung des Vorkommens mit dem geringsten $\Delta_{SD(j)}$, das Vorkommen bei Regensburg (18R) in Bayern ($\Delta_{SD(18R)} = 0,2498$), stimmt am stärksten mit der Zusammensetzung seines Komplements überein und repräsentiert die insgesamt im Material vorhandene genetische Diversität der Vorkommen in Deutschland am besten. Das Vorkommen beim Tegernsee (22R) in Bayern ist dagegen das Vorkommen mit dem höchsten $\Delta_{SD(j)}$ ($\Delta_{SD(22R)} = 0,4902$) und unterscheidet sich von der Gesamtheit der anderen Vorkommen, dem Komplement, am stärksten, was als genetische Signatur einer spezifischen Anpassung interpretiert werden kann (Abb. 15). Beide Vorkommen sind somit als GenEG von besonderem Interesse und für die Auswahl von Vorkommen für die Einrichtung von GenEG prioritär. Die Ergebnisse umfangreicher Untersuchungen zur genetischen Diversität von *H. repens* sind in Herden et al. (2020) veröffentlicht.

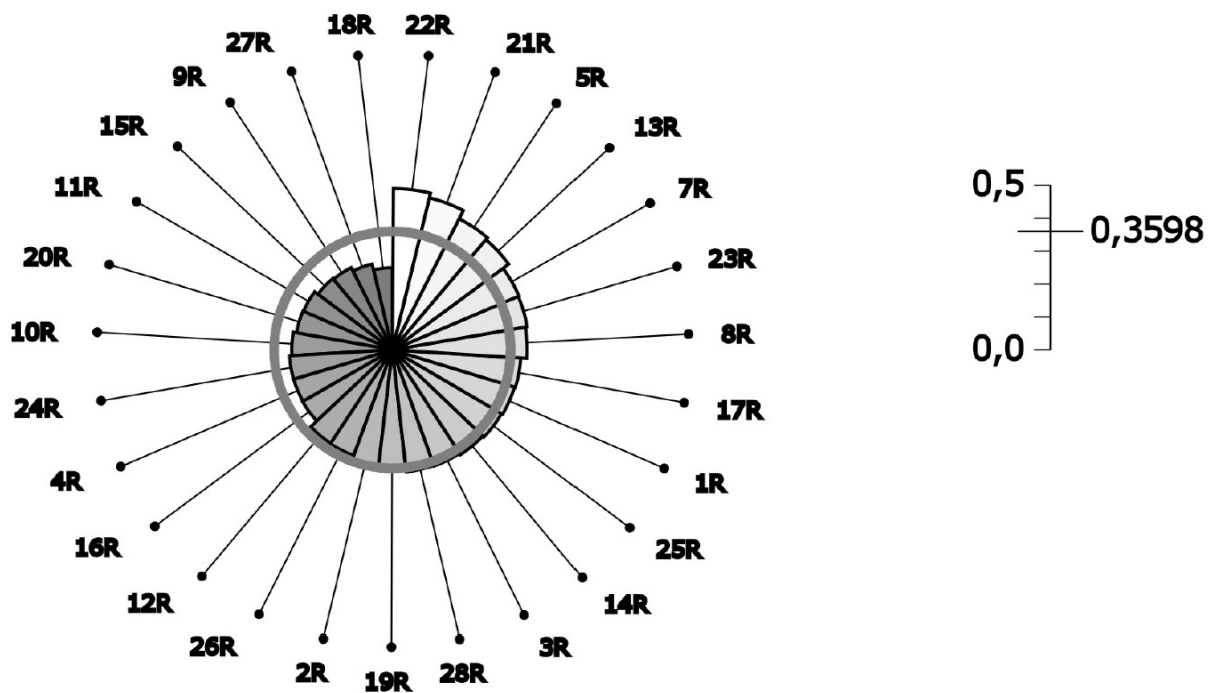


Abb. 15: Genetische Differenzierung zwischen 27 Vorkommen von *Helosciadium repens* analysiert mit 6 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar (Zuordnung der Labor-IDs zu Vorkommen entsprechend Anhang VI; Herden et al., 2020).

6.1.7.2.2 Genetische Analysen zu *Helosciadium nodiflorum*

Zwei der 24 erfolgreich beprobten *H.-nodiflorum*-Vorkommen (bei Bienwald (RLP-24-20150730-1031) und bei Herxheim (RLP-W23-20150725-1525)) wurden von den genetischen Analysen ausgeschlossen, weil bei sechs Markern nur bei wenigen Individuen PCR-Produkte amplifiziert wurden. Auch die Auswertung der ABI-Analysen (vier Marker) dieser beiden Vorkommen zeigte sehr viele (129) Ausfälle. Als Ursache für die Ausfälle der PCR-Produkte werden Probleme bei der Gewinnung, Trocknung und Lagerung der Blattproben vermutet. Auf der Grundlage eines Screenings mit drei *H.-nodiflorum*-

Vorkommen wurde für die genetischen Analysen von insgesamt 22 Vorkommen (Vorkommen mit Labor-ID im Anhang VI) ein Set aus 17 polymorphen SSR-Markern zusammengestellt.

Tab. 7: Locus-spezifische Parameter für *Helosciadium nodiflorum*

Locus	Anzahl Individuen	Anzahl Allele	PIC ¹⁾	Beobachtete Heterozygotie (H _o)	Allelische Diversität (H _e)
ANM0041	600	6	0,370	0,202	0,392
ANM0052	600	4	0,558	0,302	0,630
ANM0054	600	5	0,529	0,253	0,606
ANM0056	600	11	0,829	0,543	0,848
ANM0057	600	6	0,444	0,123	0,474
ANM0058	600	12	0,758	0,260	0,788
ANM0059	600	6	0,594	0,218	0,625
ANM0060	600	13	0,837	0,407	0,852
ANM0061	600	9	0,623	0,232	0,654
ANM0062	600	7	0,690	0,142	0,732
ANM0063	600	5	0,270	0,043	0,308
ANM0069	600	8	0,629	0,190	0,678
ANM0071	600	6	0,491	0,300	0,566
ANM0072	600	6	0,328	0,172	0,370
ANM0075	600	7	0,679	0,140	0,723
ANM0076	600	10	0,584	0,460	0,644
ANM0079	600	17	0,676	0,287	0,691

¹⁾Polymorphic Information Content nach Botstein et al. (1980)

Die Anzahl detektierter Allele schwankte zwischen vier (ANM0052) und 17 (ANM0079). Es wurden PIC-Werte zwischen 0,270 (Marker ANM0063) und 0,837 (ANM0060) generiert. Beide Marker zeigten mit 0,308 auch die geringste bzw. mit 0,848 die größte allelische Diversität (Tab. 7). Daraus ist zu entnehmen, dass die selektierten Marker sehr gut für Diversitätsstudien geeignet sind.

Von den 374 Vorkommen x Marker-Kombinationen (22 Vorkommen, 17 Marker) konnte bei 181 eine signifikante Abweichung vom HWG festgestellt werden. 109 Kombinationen zeigten keine Abweichung vom HWG und bei 84 Kombinationen war aufgrund der Datenlage (homozygote Allele) eine statistische Auswertung nicht möglich. Zwei der Vorkommen (bei Friedberg-Ockstadt (HnFRI) und bei Erpolzheim (HnDUE)) fielen aus der statistischen Auswertung (SAS ProcALLELE, Faktorenanalyse mit DARWIN 6) heraus, da deren Individuenzahl durch Ausfälle bei der Durchführung der PCR die für eine statistische Auswertung kritische Marke unterschritt. Die Ursache für die Ausfälle ist vermutlich dieselbe wie bei den oben beschriebenen Vorkommen bei Bienwald und Herxheim.

Die genetische Zusammensetzung des Vorkommens bei Lörzweiler in Rheinland-Pfalz (HnLOE mit $\Delta_{SD(HnLOE)} = 0,2901$) repräsentiert die insgesamt im *H.-nodiflorum*-Material vorhandene genetische Diversität am besten, während das Vorkommen bei Udert in Rheinland-Pfalz (HnROD mit $\Delta_{SD(HnROD)} = 0,6754$) sich am stärksten vom Komplement unterscheidet (Abb. 16). Die mittlere genetische Differenzierung von *H. nodiflorum* ist gering ($\Delta_{SD} = 0,4879$), jedoch etwas höher als bei den anderen drei Wildsellerie-Arten. Die Publikation der Ergebnisse umfangreicher Untersuchungen zur genetischen Diversität von *H. nodiflorum* ist in Vorbereitung.

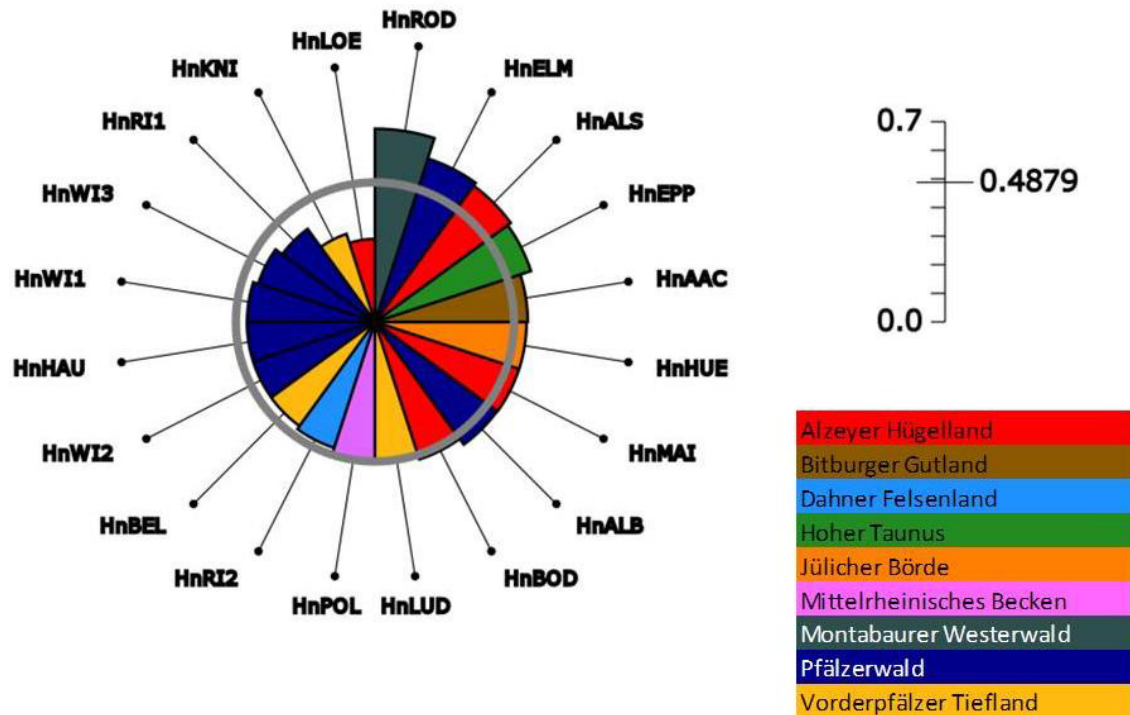


Abb. 16: Genetische Differenzierung von 20 *Helosciadium-nodiflorum*-Vorkommen, analysiert mit 17 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar. Farben kennzeichnen die unterschiedlichen Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962). Labor-IDs kennzeichnen die Vorkommen entsprechend Anhang VI.

6.1.7.2.3 Genetische Analyse zu *Helosciadium inundatum*

Auf der Grundlage eines Screenings mit drei *H.-inundatum*-Vorkommen wurde für die nachfolgenden genetischen Analysen von insgesamt 21 Vorkommen (Vorkommen mit Labor-ID im Anhang VI) ein Set aus 15 polymorphen SSR-Markern zusammengestellt (Tab. 8).

Tab. 8: Locus-spezifische Parameter für *Helosciadium inundatum*

Locus	Anzahl Individuen	Anzahl Allele	PIC ¹⁾	Beobachtete Heterozygotie (H_o)	Allelische Diversität (H_e)
ANM0059	596	15	0,343	0,111	0,350
ANM0070	596	10	0,541	0,156	0,596
ARM0001	596	9	0,600	0,119	0,631
ARM0006	596	8	0,568	0,049	0,603
ARM0009	596	11	0,802	0,193	0,825
ARM0015	596	5	0,156	0,119	0,161
ARM0017	596	11	0,441	0,173	0,481
ARM0021	596	17	0,571	0,168	0,606
ARM0022	596	10	0,467	0,290	0,507
ARM0023	596	12	0,354	0,232	0,362
ARM0024	596	14	0,809	0,195	0,828
ARM0033	596	12	0,661	0,094	0,707
ARM0034	596	9	0,684	0,136	0,727
AXM0093	596	7	0,234	0,044	0,248
AXM0095	596	12	0,244	0,054	0,251

¹⁾ Polymorphic Information Content nach Botstein et al. (1980)

Die Anzahl detektierter Allele schwankt zwischen 4 (ARM0015) und 17 (ARM0021) und der PIC-Wert zwischen 0,156 (ARM0015) und 0,809 (ARM0024). Beide Marker zeigten erwartungsgemäß auch die geringste bzw. größte allelische Diversität. Von 315 Vorkommen x Marker-Kombinationen (21 Vorkommen, 15 Marker) wurde bei 217 Kombinationen eine signifikante Abweichung vom HWG festgestellt. 51 Kombinationen zeigten keine statistisch gesicherte Abweichung vom HWG und bei 47 Kombinationen war aufgrund der Datenlage (homozygote Allele) eine statistische Auswertung nicht möglich. Die Abweichungen vom HWG belegen, dass es sich bei den Vorkommen nicht um ideale panmiktische Populationen handelt.

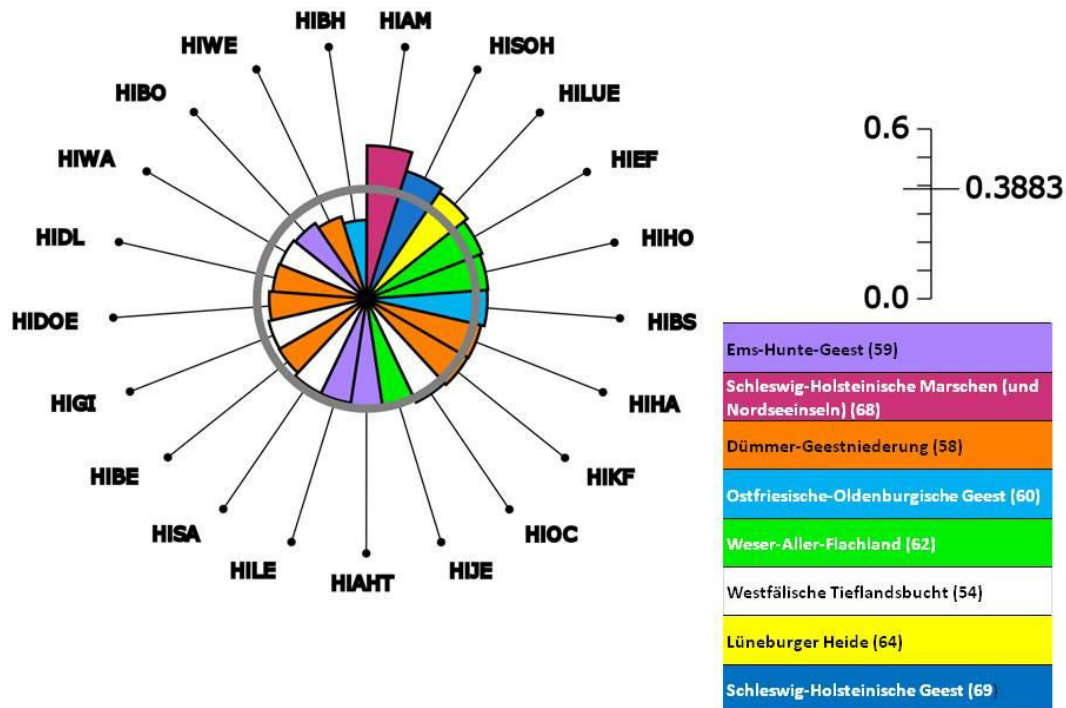


Abb. 17: Genetische Differenzierung von 21 *Helosciadium-inundatum*-Vorkommen, analysiert mit 15 SSR-Markern und ausgewertet mit DifferInt. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar. Farben kennzeichnen die unterschiedlichen Naturräume der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962). Labor-IDs kennzeichnen die Vorkommen entsprechend Anhang VI.

Die DAPC ergab keine Aufteilung aller Individuen in deutlich unterscheidbare Gruppen, mit Ausnahme von sechs der 21 Vorkommen. Die mittlere genetische Differenzierung im Material ist mit $\Delta_{SD} = 0,3883$ unterdurchschnittlich (Abb. 17). Das Vorkommen bei Oldenburg (HiBH) weist mit $\Delta_{SD(HiBH)} = 0,2782$ die geringste genetische Distanz zu seinem Komplement auf und repräsentiert die genetische Zusammensetzung der gepoolten übrigen Vorkommen somit am besten, während sich das Vorkommen auf Amrum (HiAM) mit $\Delta_{SD(HiAM)} = 0,5415$ am stärksten vom Komplement unterscheidet. Die Differenzierung der Vorkommen lässt an einzelnen Loci große Unterschiede erkennen. So sind am Locus ARM0009 mit $\Delta_{SD} = 0,6643$ die Vorkommen überdurchschnittlich stark differenziert, während der Locus ARM0015 mit $\Delta_{SD} = 0,1118$ nur einen geringfügigen Anteil an der Differenzierung der Vorkommen hat. Die Vorkommen bei Cloppenburg (HiAHT), in der Bordelumer Heide (HiSOH) und bei Warendorf (HiWA) bestehen zu einem großen Teil (10, 19, 12) aus identischen Multi-Locus-Genotypen, welche zudem an den meisten Loci homozygot waren. Bei diesen Individuen handelt es sich vermutlich um Selbstungsnachkommen. Die Publikation der Ergebnisse umfangreicher Untersuchungen zur genetischen Diversität von *H. inundatum* ist in Vorbereitung.

6.1.8 Auswahl von Vorkommen als Kandidaten für genetische Erhaltungsgebiete

Im Jahr 2018 wurden 55 Vorkommen (je 15 für *A. graveolens* und *H. nodiflorum*, 14 für *H. repens* und elf für *H. inundatum*; Abb. 18) als Kandidaten für die Einrichtung als GenEG ausgewählt. Welche Vorkommen ausgewählt wurden, sowie die Gründe dafür sind dem Anhang VII zu entnehmen. Die Summe übersteigt die geplanten 45 einzurichtenden GenEG für den Fall, dass die Einrichtung eines oder mehrerer GenEG nicht gelingt.

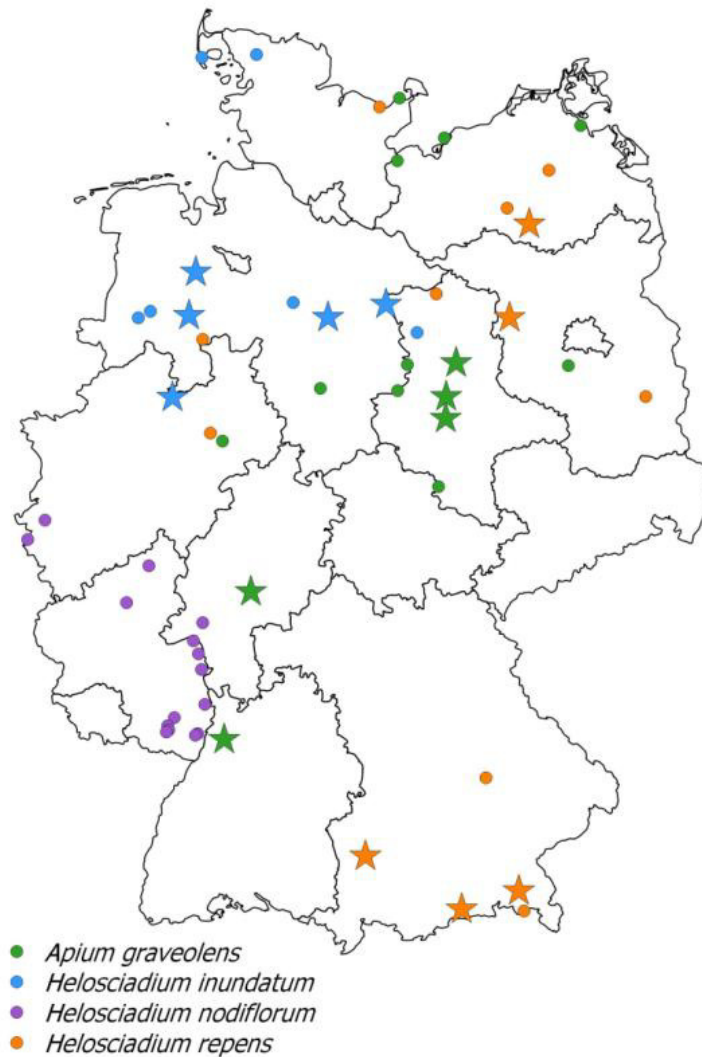


Abb. 18: Vorkommen der vier Wildsellerie-Arten in Deutschland, für die bereits genetische Erhaltungsgebiete eingerichtet wurden (Symbol: Stern) bzw. für die die Einrichtung vorgeschlagen wird (Symbol: Punkt; Karte: © GeoBasis-DE / BKG 2016).

Die ausgewählten Vorkommen verteilen sich auf zehn Bundesländer. Die Wuchsfelder von 17 Vorkommen befinden sich mindestens anteilig sowohl in einem NSG als auch in einem FFH-Gebiet. Elf weitere Vorkommen liegen mindestens teilweise in einem FFH-Gebiet und eines in einem NSG. Neun Vorkommen befinden sich außerhalb gesetzlich geschützter Bereiche. Die anderen Vorkommen weisen Schutzgebietskategorien wie Biosphärenreservat, Naturpark, Naturdenkmal, Landschaftsschutzgebiet oder gesetzlich geschütztes Biotop auf.

6.2 Einrichtung und Betrieb genetischer Erhaltungsgebiete

6.2.1 Prozesse der Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete und des Aufbaus eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete

Für den formalen und verbindlichen Aufbau des Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie, kurz Netzwerk Wildsellerie, und die Einrichtung der GenEG war die Unterzeichnung einer Kooperationsvereinbarung durch Akteure vorgesehen. Als Ziel des ersten Entwurfs der Kooperationsvereinbarung wurde die Vernetzung und Förderung des miteinander abgestimmten Handelns der Vertragspartner (z. B. Obere, Mittlere und Untere Naturschutzbehörden, BLE, Flächeneigentümer und –nutzer, Verbände) formuliert. Darüber hinaus wurden die Organisationsstruktur, Aufgaben der Koordinationsstellen und Unterzeichner, die Nutzung und Weitergabe von Daten sowie die Aufnahme neuer und der Ausschluss beteiligter Partner beschrieben. Durch Gespräche mit lokalen Naturschutz-Akteuren wurde festgestellt, dass für die Koordination und Aufrechterhaltung des Netzwerks Wildsellerie und der Koordination der daran Beteiligten eine dauerhaft tätige Institution oder Person erforderlich ist und die vorgesehene multilaterale Netzwerkstruktur eher ungeeignet ist. Es wurde empfohlen, dass zum einen eine zentrale Stelle das Netzwerk Wildsellerie betreut und zum anderen über diese Stelle das Netzwerk Wildsellerie mit dem „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ verbunden wird. In Folge von Beratungen des Projektteams mit dem IBV der BLE und dem BMEL wurde dem JKI die Koordinationsfunktion für das Netzwerk Wildsellerie zum Mai 2019 durch das BMEL übertragen. Die Arbeitsgruppe, die als „Fachstelle Wildsellerie“ tätig ist, ist damit zuständig für die

- Sicherung und Pflege der Daten zu GenEG,
- Entwicklung von Monitoring-Verfahren für GenEG für Wildsellerie-Arten in Deutschland,
- fachliche Betreuung der Partner des Netzwerks Wildsellerie sowie Gewinnung weiterer Partner,
- Übermittlung von Daten an das IBV der BLE zur Erfüllung der deutschen Berichtspflichten im Rahmen des Internationalen Saatgutvertrages,
- Einbindung des Netzwerks Wildsellerie in das „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ und geplante europäische Netzwerke.

Die dadurch neu geschaffenen Rahmenbedingungen (Fachstelle Wildsellerie, vertikale Anordnung des Erhaltungnetzwerks mit dem Netzwerk Wildsellerie als untere und dem „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ als höhere Ebene, Abb. 19), wurden mit dem bisherigen Entwurf der Kooperationsvereinbarung nicht ausreichend abgebildet. In Übereinkunft mit dem IBV der BLE und dem BMEL stellte das Projektteam fest, dass für den Aufbau des Netzwerks Wildsellerie aus diesem Grund zwei verschiedene Kooperationsvereinbarungen besser geeignet sind: 1) eine für ein GenEG spezifische Kooperationsvereinbarung zwischen der Fachstelle und den Netzwerkpartnern vor Ort und 2) eine Rahmenvereinbarung zwischen der Fachstelle und dem IBV der BLE als nationaler Koordinator des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“.

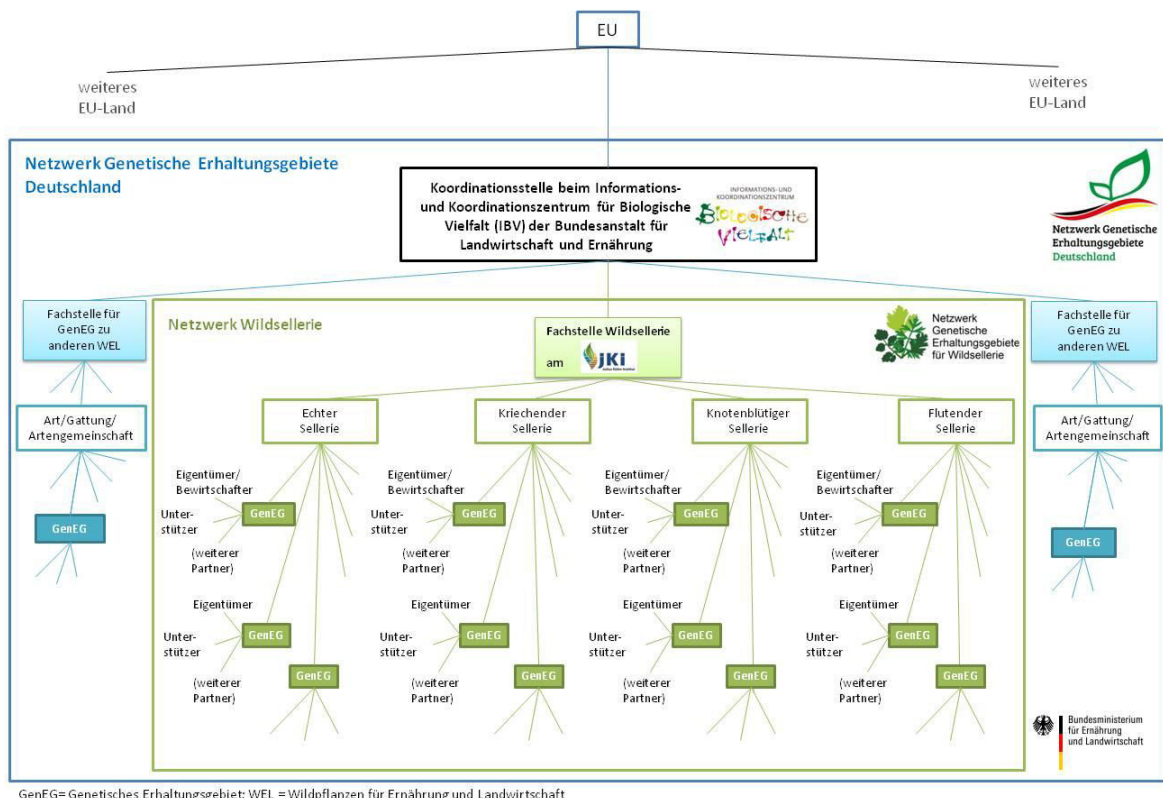


Abb. 19: Struktur des Netzwerk Wildsellerie und deren Einbindung in das „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“: Die Fachstelle Wildsellerie koordiniert die Erhaltung der Wildsellerie-Vorkommen und ist Ansprechpartner für die lokalen Akteure wie z. B. Eigentümer. Die Fachstelle unterstützt das IBV der BLE bei der Erfüllung der deutschen Berichtspflichten. Das IBV der BLE stimmt sich mit der Fachstelle Wildsellerie und weiteren künftig eingerichteten Fachstellen hinsichtlich der allgemein zutreffenden Rahmenbedingungen zur Einrichtung und Koordination der GenEG und damit verbundenen Aktivitäten ab.

Darüber hinaus wurde festgestellt, dass die GenEG-spezifischen Kooperationsvereinbarungen zwischen der Fachstelle und den Netzwerkpartnern vor Ort eines GenEG mehr Flexibilität als eine Gesamtvereinbarung bieten, die von allen am Netzwerk Wildsellerie Beteiligten im Umlaufverfahren zu unterzeichnen wäre. Für eine langfristige Aufrechterhaltung eingerichteter GenEG sollte unter den Unterzeichnern der GenEG-spezifischen Kooperationsvereinbarung mindestens ein dauerhafter Partner – i. d. R. eine Institution wie z. B. die Naturschutzbehörde oder die Gemeinde – sein. Der Abschluss einer Kooperationsvereinbarung mit sämtlichen Eigentümern und ggf. Bewirtschaftern ist nicht erforderlich, wenn ihr Handeln entsprechend der Kooperationsvereinbarung bereits in anderer Weise geregelt wird bzw. dies durch einen in Vertretung der Eigentümer und Bewirtschafter Handelnden (z. B. Gewässerunterhaltungsverband, Vorstand einer „Rechtler“-Gemeinschaft) erfolgt.

Darüber hinaus wurden folgende Mindeststandards für GenEG-spezifische Kooperationsvereinbarungen festgelegt:

1. Ziel ist die In-situ-Erhaltung der Population – dafür sind Monitoring-Aktivitäten und Erhaltungsmaßnahmen zuzulassen.

2. Ziel ist die Ex-situ-Erhaltung und Nutzbarmachung der PGR – dafür ist die Entnahme von Saatgut zur Einlagerung in die WEL-Genbank zuzulassen.
3. Es werden keine punktscharfen Lagedaten veröffentlicht, es sei denn, dass sämtliche Vereinbarungspartner zu einem GenEG dies ausdrücklich wünschen.

1. und 2. sollen das Ziel eines GenEG (Erhaltung und erleichterter Zugang) gewährleisten. Nummer 3 ergibt sich aus Forderungen von Eigentümern und Naturschutz-Akteuren. Vertreter beider Gruppen fürchten bei der Veröffentlichung von lagescharfen Funddaten, dass an den Zielarten interessierte Personen die Bestände aufsuchen und dabei Privatgrundstücke ohne Erlaubnis betreten und ggf. Exemplare entnehmen und Bestände beeinträchtigen.

Gegenstand des Entwurfs der GenEG-spezifischen Vereinbarung war die Einrichtung eines bestimmten GenEG als Bestandteil des Netzwerks Wildsellerie und die Mitgliedschaft im Kooperationsverbund zum GenEG sowie im Netzwerk Wildsellerie. Die Vereinbarung bestimmte die Ziele und Aufgaben des Kooperationsverbunds und des Netzwerks Wildsellerie, die Organisationsstruktur und die Regeln für die Zusammenarbeit der Partner untereinander sowie die Grundsätze für eine Kooperation mit Dritten. Die Aufgaben der Kooperationspartner wurden zur Vermeidung einer Beitrittschürde mit eher unverbindlichen Formulierungen beschrieben. Eine freiwillige ergänzende Selbstverpflichtung darüber hinaus sollte möglich sein. Das betreffende GenEG und eine Managementempfehlung sollten in den Anhängen beschrieben werden, um den Vereinbarungsgegenstand und die Ziele konkret zu benennen. Als weiterer Anhang der Kooperationsvereinbarung war eine Deskriptorenliste vorgesehen, die beschreibt, welche Daten im Rahmen des Monitorings regelmäßig erhoben und an weitere Akteure, z. B. an dem IBV der BLE, weitergegeben werden. Der Vereinbarungsentwurf verfügte über acht Seiten zuzüglich der Anhänge (je nach Darstellungsweise zwischen 13 und 20 Seiten). Die Erstellung der Gebietssteckbriefe und Managementempfehlungen für die Anlage des Vereinbarungsentwurfs stellte sich als sehr aufwändig heraus. Nach Fertigstellung der ersten GenEG-spezifischen Anhänge wurde der neue Entwurf örtlich Beteiligten im Zuge des Abstimmungsprozesses vorgelegt. Die Rückmeldungen fielen unterschiedlich aus: Während einige dem Entwurf zustimmten, bemängelten andere, dass durch die Kooperationsvereinbarung kein fundierter Handlungsauftrag entstehe, die Finanzierung von Pflege- und Entwicklungsmaßnahmen offen bleibe und der Mehrwert für das Erhaltungsmanagement gering sei, die detaillierten Regelungen unnötig seien und das Dokument grundsätzlich zu lang sei. In diesem Sinn bewerteten die potentiellen Partner die Vereinbarung als einen unnötigen bürokratischen Aufwand. Auch die grundsätzliche Mitgliedschaft in den Netzwerken wurde nicht von allen Beteiligten befürwortet.

Aufgrund dieser deutlichen Ablehnung wurde der Entwurf anhand der Kritikpunkte und in Abstimmung mit dem Justizariat des JKI deutlich gekürzt und überarbeitet: Dabei stellte das Justizariat fest, dass eine „Vereinbarung“, welche von mindestens zwei Akteuren (einer davon die Fachstelle) getroffen wird und von diesen zu unterzeichnen ist, hinsichtlich der Einhaltung der Mindeststandards ungeeignet ist. Denn hierfür ist insbesondere das Einverständnis erforderlich, dass eine Fläche für die Datenerfassung, das Monitoring, die Materialentnahme und die Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen betreten, Saatgut gesammelt und in der Genbank WEL eingelagert sowie zu SMTA-Bedingungen abgegeben werden darf. Das Einverständnis dazu kann nur von dem Flächeneigentümer gegeben werden. Bei bestimmten vertraglich geregelten Nutzungsrechten ist darüber hinaus ggf. das Einverständnis von weiteren Akteuren, z. B. Flächenpächtern oder –bewirtschaftern, erforderlich. Aus diesem Grund kann die Voraussetzung für die Mindeststandards nur in Form einer einseitigen Einverständniserklärung hergestellt werden. Bei bestimmten Schutzgebieten ist zusätzlich

dazu die Genehmigung der zuständigen Naturschutzbehörde erforderlich. Diese soll nicht pauschal bei der Einrichtung eines GenEG eingeholt werden, da Naturschutzbehörden i. d. R. keine dauerhafte Erlaubnis im erforderlichen Umfang erteilen würden und häufig konkrete Informationen zur geplanten Feldarbeit benötigen. Befreiungen von Schutzgebietsverordnungen bzw. der Artenschutzverordnung sind deswegen separat in Vorbereitung der Feldarbeit zu beantragen.

Da die Erhaltung der Wildsellerie-Vorkommen in GenEG i. d. R. nur durch die lokalen Akteure erfolgen kann, ist mindestens ein Unterstützer erforderlich, der in Absprache mit der Fachstelle vor Ort aktiv wird. Vorzugsweise sollte der Unterstützer über einen naturschutzfachlichen Hintergrund verfügen. Grundsätzlich können aber auch z. B. Eigentümer, die Gemeinde oder ein Bürgerverein geeignete Unterstützer sein. Wie zuvor durch das Projektteam, das IBV der BLE und das BMEL festgelegt, sollte für ein möglichst langfristiges Engagement mindestens ein Unterstützer je GenEG eine dauerhaft tätige Institution sein, vorzugsweise eine Naturschutzbehörde oder -verband. Da die lokalen Akteure, die das GenEG unterstützen möchten, jedoch unterschiedlichen Fachbereichen und Personengruppen zuzuordnen sind und ihnen unterschiedliche Ressourcen zur Verfügung stehen, variiert auch deren Kapazität bei der Unterstützung. Unterstützungsmöglichkeiten sind insbesondere:

- Übermittlung aktueller Informationen zum Standort und WEL-Bestand an die Fachstelle
- Information der Öffentlichkeit über die Bedeutung der WEL
- Aktualisierung und Konkretisierung der Planung angepasster Bewirtschaftung bzw. Pflege- und Erhaltungsmaßnahmen
- Organisation oder Durchführung von angepasster Bewirtschaftung bzw. von Pflege- und Erhaltungsmaßnahmen
- Unterstützung Dritter bei Kartierungs- oder Erhaltungsmaßnahmen

Die Formulierung zur Unterstützung wurde im Entwurf unspezifisch gehalten, da die Unterstützungskapazitäten der Akteure i. d. R. in Abhängigkeit der vorhandenen Ressourcen auch zeitlich schwanken können. Weil die Erklärung zur Unterstützung auf dem Einverständnis des Flächeneigentümers, – pächters bzw. – bewirtschafters als Grundvoraussetzung aufbaut, stellt sie einen Zusatz zu deren Einverständniserklärung da.

Wichtige Bestandteile von (Einverständnis-) Erklärungen sind, dass sie jederzeit widerrufen werden können und dass sie freiwillig und in der Entscheidung nicht eingeschränkt erfolgen. Dies betrifft insbesondere Erklärungen, die personenbezogene Daten enthalten. Dem entsprechend werden die lokalen Akteure vor der Unterzeichnung über die Freiwilligkeit, die Konzeption der GenEG-Technik, die Bedeutung des WEL-Bestandes und möglicher Managementmaßnahmen informiert. Fordert der lokale Akteur Änderungen in der Erklärung, sind diese möglich, wenn die Fachstelle und das IBV der BLE dem zustimmen. Bei Änderungen ist sicherzustellen, dass durch die Gesamtheit der Erklärungen zu einem GenEG die Mindeststandards eingehalten werden. Bezüglich der in der Erklärung aufgeführten personenbezogenen Daten gilt zusätzlich die Datenschutzgrundverordnung. Demnach ist der Unterzeichner über den vorgesehenen Zweck der Erhebung, Verarbeitung und Nutzung seiner personenbezogenen Daten zu informieren. Um den Textumfang für die Erklärungen gering zu halten, wurde die Beschreibung der GenEG auf die Angabe der Zielart und Flurstücke begrenzt. Weitere Informationen zum GenEG, dessen Management, dem Netzwerk Wildsellerie sowie den zu erhebenden Daten werden nicht mehr explizit dargelegt, sondern separat kommuniziert. Es wurde festgelegt, dass die Originale der Erklärungen durch die Fachstelle Wildsellerie archiviert werden. Sämtliche Unterzeichner sowie das IBV der BLE als Koordinationsstelle des „Netzwerk Genetische

Erhaltungsgebiete Deutschland“ erhalten Kopien. Muster der Erklärungen sind dem Anhang VIII zu entnehmen.

Die Einbindung des Netzwerks Wildsellerie in das „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ erfolgt durch die Zusammenarbeit der Fachstelle und dem IBV der BLE, welche durch eine Rahmenvereinbarung geregelt wird. Sie beschreibt insbesondere die Organisationsstruktur, Aufgaben der Partner und regelt den Austausch und die Weitergabe von Daten im Rahmen der nationalen Berichtspflichten. In Anhängen der Vereinbarung ist eine Liste der WEL-Arten oder –artengruppen enthalten, deren Erhaltung das Ziel der Zusammenarbeit ist. Des Weiteren werden die zu den Netzwerken entwickelten Logos dargestellt und die Deskriptoren aufgeführt, zu denen die Fachstelle einmal jährlich Informationen an das IBV der BLE übermittelt. Die Deskriptoren sind unterteilt in obligatorische und fakultative Attribute. Die fakultativen Deskriptoren werden von der Fachstelle nicht bedient, wenn es seitens der lokalen Akteure bzw. zuständiger Naturschutzbehörden Einwände zur Weitergabe der Daten gibt. Die Deskriptoren sind dem Anhang IX zu entnehmen. In weiteren Anlagen verständigen sich die Partner auf die Mindeststandards und einen Musterentwurf zur Erklärung der lokalen Akteure.

Die Zusammenarbeit des Netzwerks Wildsellerie mit der Genbank WEL wird über eine separate Vereinbarung zwischen dem IBV der BLE als Koordinationsstelle des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ und der Genbank WEL geregelt.

In Bezug auf die Kritik der lokalen Akteure, dass die Einrichtung und der Betrieb eines GenEG mit nur einem geringen Mehrwert für das Erhaltungsmanagement von Zielarten verbunden sei, griff das Projektteam die Idee von Akteuren auf, das Engagement zur Erhaltung der Zielarten (öffentlichkeitswirksam) zu würdigen. Das Projektteam, das IBV der BLE und das BMEL befanden die Vergabe einer Urkunde, ausgestellt von der Koordinationsstelle des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ beim IBV der BLE, als dafür geeignetes Mittel. Diese Urkunde wird lokalen Akteuren ausgestellt, welche erklärt haben, im Rahmen ihrer Möglichkeiten die Durchführung von Maßnahmen, die für die langfristige Erhaltung des Vorkommens geeignet sind, zu unterstützen. Die Urkunde wird nach Unterzeichnung der Erklärung übersendet oder öffentlichkeitswirksam übergeben. Darüber hinaus kann die Einrichtung eines GenEG durch eine Presseinformation verkündet werden. Als weiteres bietet die Fachstelle den lokalen Akteuren Unterstützung bei dem Entwurf einer Informationstafel für das GenEG an. Entsprechend der nationalen Koordinationsstelle beim IBV der BLE sollten mindestens folgende Informationen auf der Tafel dargestellt bzw. mitgeteilt werden:

- Logo des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ (möglichst oben rechts);
- das GenEG als Teil des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“;
- der Hinweis „Die Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete ist eine Maßnahme im Rahmen des nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen.“ (möglichst am Ende der Tafel).

Die übrige Ausgestaltung der Tafel kann durch die lokalen Akteure entsprechend der Standortgegebenheiten, z. B. hinsichtlich des Designs weiterer sich in der Umgebung befindender Tafeln und der Integration in das Landschaftsbild, bestimmt werden.

6.2.2 Kommunikation zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete

Für die Förderung der Kooperationsbereitschaft bei der Erhaltung von WEL auf allen Entscheidungs- und Umsetzungsebenen, insbesondere der Einrichtung und dem Fortbestehen von GenEG, sowie für die Verbesserung der Vernetzung zwischen Experten ist die Kommunikation mit Personen erforderlich, welche unterschiedlichen Gruppen zugeordnet werden können. In Abb. 20 sind die wesentlichen Personengruppen dargestellt. Es sind Information über die In-situ-Erhaltungsstrategie und die Technik des GenEG zu kommunizieren und Verständigungsbarrieren abzubauen, die durch unterschiedliche gesellschaftliche und subjektive Wertvorstellungen und Interessen (Emde, 2004) entstanden sind. Besonders Flächeneigentümer und –nutzer sowie Behörden, Verbände, Stiftungen und weitere Institutionen oder natürliche Personen aus dem Naturschutz, der Landwirtschaft und der Pflanzengenetik- und Pflanzenzüchtungsforschung sowie anderweitig an Flächen mit WEL-Vorkommen Beteiligte sollen für die Bedeutung von WEL sensibilisiert werden als Voraussetzung zur Einrichtung von GenEG und dem Aufbau von Netzwerken. Lokale Akteure sind über den Zustand und die Bedeutung von sich in ihrem Aktionsfeld befindenden Vorkommen von WEL und die mit dem GenEG verbundenen Rahmenbedingungen zu informieren.

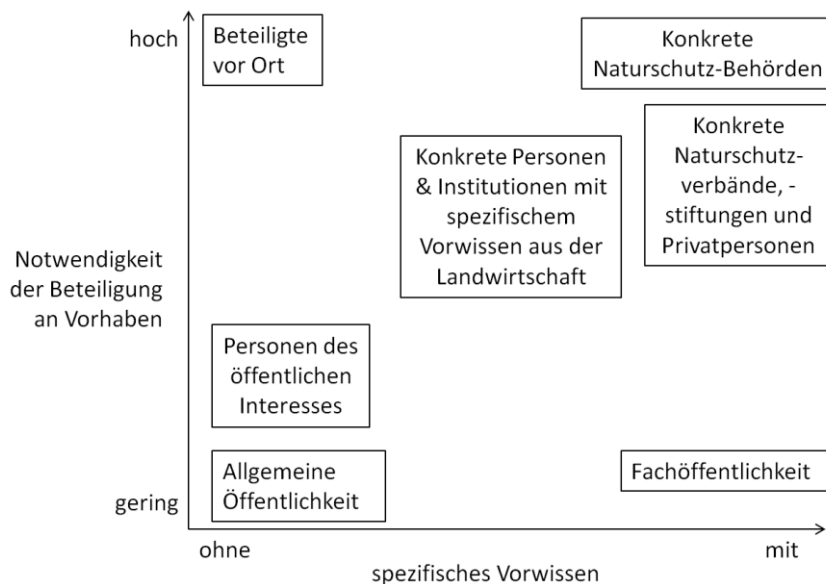


Abb. 20: Gruppen von Personen, angeordnet nach Stand des spezifischen Vorwissens zur Erhaltung von WEL und der Notwendigkeit, die Personengruppe an Vorhaben zur Erhaltung von WEL zu beteiligen

Bei der Kommunikation sind unterschiedliche Sichtweisen und Vorkenntnisse zu berücksichtigen. Es kann angenommen werden, dass bei Personen mit Tätigkeiten im Naturschutz oder der Landwirtschaft die Bedeutung von PGR überwiegend bekannt ist. Die Motivation zur deren Erhaltung variiert zwischen Beteiligten des Landwirtschafts- und Naturschutzsektors aufgrund unterschiedlicher Wertvorstellungen und Interessen. Dadurch bedingte Konflikte belasten die Beziehung zwischen dem Naturschutz- und Landwirtschaftssektor. Die Zusammenarbeit für ein gemeinsames Ziel wird häufig als Chance für eine Verbesserung der Verständigung zwischen den Sektoren empfunden, ist jedoch auch mit Erwartungen verbunden.

Bei Personen ohne naturschutzfachliche Vorkenntnisse fehlt häufig die Akzeptanz von Naturschutzmaßnahmen, mitunter verbunden mit offenem Widerstand gegen Maßnahmen des Naturschutzes (nach Reusswig 1999, zit. in Emde, 2004). Laut Reusswig sieht der Naturschutz den Menschen eher

als „Störenfried“ und Verursacher der Naturzerstörung. Informationen, dass Eingriffe in den Naturhaushalt durch den Menschen ein Maß angenommen haben, welches die Lebensgrundlagen des Menschen selbst gefährdet (Gregorius et al., 2007), können als Angriff auf die eigene Lebenswelt und individuelle Handlungsfreiheit verstanden werden. Auch eine reine Ressourcennutzungsperspektive ist nicht mehr zu rechtfertigen (Gregorius et al., 2007). Vielmehr muss die Abhängigkeit des Menschen von ökosystemaren Leistungen und seine Einbettung in die Natur betont und immer wieder kommuniziert werden. Für die Kommunikation mit dem Ziel, die Erhaltung von WEL zu verbessern und GenEG einzurichten, ist vorhandenes Wissen zu PGR zu reaktivieren und zu ergänzen: Insbesondere ist die Bedeutung von WEL hervorzuheben und zu begründen. Personen ohne Bezug zum Naturschutz finden eher über den Nutzegedanken einen Zugang zur Thematik (Emde, 2004). Aufgrund des Informationsüberflusses findet die Wahrnehmung i. d. R. selektiv statt: Nur Reize, die subjektiven Nutzen versprechen, werden aufgenommen (Pepels, 2005) – so stellt die nachhaltige Nutzung den wichtigsten Grund zum Schutz der Natur bzw. der Erhaltung von WEL dar. Die Zukunftsperspektive und die Vision des Lösungsansatzes von GenEG sind zu verdeutlichen und die Kooperation durch Hervorheben gemeinsamer Ziele von Beteiligten zu fördern. Der Fokus auf die moralische Ebene führt hingegen eher zur Konfrontation (Emde, 2004).

Die Kernbotschaft bei der Kommunikation ist demnach: „In Verantwortung künftiger Generationen und in Anbetracht zunehmender Umweltprobleme ist die Ernährung durch das gemeinsame Handeln der Bürger und Fachinstitutionen zu sichern. Dazu gehört die Erhaltung von WEL.“ Für Naturschutz-Akteure kann zusätzlich betont werden, dass die Erhaltung von WEL ein Beitrag zur Sicherung der Biodiversität und eine Chance und keine Gefahr für die Erhaltung gefährdeter Pflanzenarten ist. Für Personen des Landwirtschaftssektors kann hervorgehoben werden, dass durch die Erhaltung von WEL unverzichtbare Ressourcen der Landwirtschaft bewahrt werden. Bei der Kommunikation sollten nach Herbst (1997) folgende Prinzipien beim Inhalt und bei der Gestaltung berücksichtigt werden: langfristig und systematisch geplant, aktiv, verständlich, sachlich richtig und objektiv, klar und glaubwürdig, fokussiert und problemorientiert, transparent, eindeutig und inhaltlich abgestimmt, rechtzeitig und kontinuierlich, einheitlich gestaltet (Corporate Design) und Bilder vermittelnd. Durch eine angemessen hohe Kontaktfrequenz kann der Verfall des übermittelten Wissens bei den Adressaten reduziert werden. Im Allgemeinen ist zuerst über die Thematik zu informieren und der Absender vorzustellen. Anschließend kann eine dialogorientierte Kommunikation bis zum Erreichen des Kommunikationsziels erfolgen. In diesem Rahmen ist auch über die Zukunftsperspektive zu informieren.

Es gibt verschiedene Mittel bzw. Maßnahmen zu Kommunikation. Sie unterscheiden sich im Aufwand (Zeit- und Mittelbedarf) sowie durch die Bereitstellungsart (digital oder analog) in ihrer Reichweite und der Art und Anzahl von erreichbaren Personen. Bei Frese und Bönisch (2020) werden Mittel und Maßnahmen aufgeführt, die für die Kommunikation zum Erhalt von WEL und zur Umsetzung konkreter Vorhaben geeignet sind. Für die Einrichtung von GenEG ist besonders der direkte Dialogkontakt von Bedeutung. Durch den individuellen Austausch können personenbezogene Wünsche und Erwartungen erfragt und schnell und flexibel reagiert werden (Herbst, 1997). Durch eine Webseite können Informationen ohne Beschränkung auf bestimmte Personengruppen und mit frei wählbarer Informationstiefe zur Verfügung gestellt werden. Broschüren fassen hingegen die Informationen knapp zusammen, können aber auch analog zur Verfügung gestellt werden. Lokale Treffen verschiedener Akteure eignen sich besonders zur standortspezifischen Kommunikation, z. B. hinsichtlich der Abstimmung zur Einrichtung von einem konkreten GenEG. Ist ein GenEG eingerichtet, ist eine

am Vorkommen installierte Informationstafel dafür geeignet, die lokale Öffentlichkeit in knapper Form über die Erhaltung von WEL bzw. einem konkreten Vorkommen zu informieren und auf weitere Informationsmöglichkeiten (z. B. Webseite) sowie das Engagement von lokalen Akteuren hinzuweisen. In Form von Pressemitteilungen oder eines News-Tickers auf einer Webseite können anlassbezogene Informationen, z. B. die Einrichtung von GenEG oder neue Erkenntnisse zur Erhaltung von WEL, öffentlich mitgeteilt werden. Ein Newsletter eignet sich zur regelmäßigen Information bereits bekannter Personen über Neuigkeiten bei der Erhaltung von WEL bzw. bestimmter Vorhaben. In bestimmten Fachbereichen, insbesondere dem Naturschutz oder der Landwirtschaft, tätige Personen können über Beiträge in Fachzeitschriften oder Büchern oder auf Fachveranstaltungen informiert werden. Mittels Kombination von Kommunikationsmitteln kann die Reichweite eines einzelnen Kommunikationsmittels vergrößert werden und die Anzahl der adressierten Personen sowie deren Kontaktfrequenz erhöht werden. Die Kosten der Kommunikationsmittel setzen sich aus dem Zeitaufwand und den Materialkosten zur Herstellung bzw. Durchführung und ggf. weiteren Gebühren zusammen. Der Aufwand für Vervielfältigung oder mehrfache Anwendung eines Kommunikationsmittels fällt unterschiedlich aus. Bei Frese und Bönisch (2020) sind Schätzwerte für die Kosten angegeben.

Das Ziel der Kommunikation im GE-Sell-Projekt war es, Unterstützer bei lokalen Akteuren von Wildsellerie-Vorkommen zu gewinnen. Die Information der Akteure erfolgte möglichst zeitlich gestaffelt: Akteure mit einem breiten Zuständigkeitsgebiet zuerst und untergeordnete Institutionen sowie Ort-konkrete Akteure nachfolgend. Von besonderer Wirksamkeit war im GE-Sell-Projekt der direkte Dialogkontakt (persönliches Anschreiben oder Gespräch) in Kombination mit einer Webseite sowie einer Broschüre. Durch den direkten Kontakt erfolgte die Kommunikation zugeschnitten auf den lokalen Akteur und das Wildsellerie-Vorkommen. Der Adressat fühlte sich persönlich angesprochen, konnte seine Rolle beim Vorhaben einordnen. Offene Fragen konnten direkt diskutiert werden. Bei der Kommunikation per Post erleichtert eine bereits beigefügte, ggf. vorfrankierte Antwortkarte dem Adressaten die Rückmeldung und unterstützt dadurch die Kommunikation zu Personen, die dem Anliegen vorerst Ablehnung oder Gleichgültigkeit entgegenbringen. Mit einigen ausgewählten lokalen Akteuren wurden auch Interviews zur Klärung noch offener Fragen bei der Umsetzung der Erhaltungstechnik des GenEG geführt. Für einen fokussierten Dialog wurden weiterführende Informationen auf der ab 2016 verfügbaren Webseite sowie in reduzierter Form ab 2017 in einer Broschüre bereitgestellt. Die Broschüre konnte bei persönlichen Treffen übergeben oder per Post oder Mailanhang übersendet werden und enthielt grundlegende Informationen zum Vorhaben, den Ansprechpartnern, Kontaktinformationen und der Zukunftsperspektive. Durch eine persönliche Übergabe kann sich der lokale Akteur häufig noch viele Tage an den Anlass sowie an die Kontaktperson beim Betrachten der Broschüre erinnern, was den persönlichen Bezug zum Kommunikationsthema stärkt. Die gedruckte Broschüre brachte darüber hinaus ein haptisches Erlebnis mit sich und regte durch die Abbildungen die Sinne an. Eine kreative und individuelle Gestaltung erleichterte dem lokalen Akteur die Erinnerung an die bereits mitgeteilten Informationen und signalisierte die Bedeutung des Vorhabens. Die Broschüre war darüber hinaus für den lokalen Akteur ein geeignetes Mittel zur Weitergabe der wichtigsten Informationen an weitere Beteiligte. Auf der Webseite zum GE-Sell-Projekt (<https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de>) konnten detaillierte Informationen in größerem Umfang und graphisch aufbereitet sowie fortlaufend aktualisiert zur Verfügung gestellt werden. Da die Webseite für die gesamte Öffentlichkeit frei verfügbar und per Suchmaschine auffindbar ist, ist sie nicht auf bereits bekannte Beteiligte beschränkt und ermöglicht bisher unbe-

kannten Akteuren die Kontaktaufnahme zu den Ansprechpartnern des Vorhabens. Seit dem Jahr 2020 ist die Webseite zusätzlich auf Englisch verfügbar.

Neben der Kommunikation, die konkrete potentielle GenEG betraf, wurden die interessierte Öffentlichkeit sowie Akteure aus Naturschutz und Landwirtschaft über das GE-Sell-Vorhaben und dessen Ergebnisse und die Bedeutung und Erhaltung von WEL im Allgemeinen informiert. Dazu wurde in deutsch- und englischsprachigen Fachzeitschriften (Bönisch et al., 2019, 2016; Frese et al., 2018b, 2018a, 2017a, 2017b; Herden et al., 2020; Krumbiegel et al., 2015) und Internetportalen (Bönisch, 2019a; Brück et al., 2020; Frese, 2019a) sowie in einem Wissenschaftsmagazin im Rundfunk (Geier et al., 2019) und auf Fachtagungen mit Vorträgen und Poster-Präsentationen (u. a. Bönisch, 2019b; Frese, 2019b; Frese et al., 2019; Herden et al., 2019; Mewis et al., 2019; Nachtigall et al., 2019a, 2019b) berichtet. Die Teilnahme an Naturschutzveranstaltungen eignete sich darüber hinaus zur Identifikation weiterer potentieller lokaler Akteure oder Unterstützer von GenEG. Als weitere Kommunikationsmittel wurden drei Newsletter verfasst, die im Abstand von rund sechs Monaten an bereits bestehende Kontakte per Mail übermittelt wurden und auf der Webseite abrufbar waren. Mit dem Inkrafttreten der Datenschutz-Grundverordnung im Mai 2018 wurde auf die Erstellung und Verteilung des Newsletters verzichtet, da zuvor von sämtlichen Empfängern das Einverständnis schriftlich einzuholen gewesen wäre. Als Alternative wurde auf der Webseite zum Projekt ein Newsticker eingerichtet und es wurden Twitter-Meldungen über den Twitter-Account des JKI veröffentlicht.

Zum Start des GE-Sell-Projektes wurden potentielle regionale Akteure und direkt oder indirekt am Projekt Beteiligte mit einem Symposium am 01. und 02. Juni 2015 in Quedlinburg über die Bedeutung von WEL und den Stand des Wissens informiert und das GE-Sell-Vorhaben vorgestellt. Im Anschluss wurden Grundsatzfragen und die ersten Schritte diskutiert. Zum Ende des GE-Sell-Projekts veranstalteten das Projektteam gemeinsam mit dem BMEL, der BLE, dem Kompetenzzentrum Kulturlandschaft (KULT) der Hochschule Geisenheim University sowie dem BfN am 4. und 5. Juni 2019 in Quedlinburg die Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“. Neben der Vorstellung der GE-Sell-Projekt-Ergebnisse wurde über weitere Projekte zu WEL, den Komponenten der In-situ- und Ex-situ-Erhaltung, den nationalen und internationalen Rahmenbedingungen für GenEG sowie den Nutzungsaspekten von WEL referiert. Die Vorträge wurden durch eine Poster-Ausstellung und Führung durch das JKI ergänzt. Mit den Teilnehmern u. a. aus wissenschaftlichen Einrichtungen, aus dem behördlichen Naturschutz und von Naturschutzorganisationen sowie lokalen Akteuren wurde die Erhaltungstechnik des GenEG diskutiert. Mit der ersten Übergabe von Urkunden in Anerkennung des Engagements an Unterstützer von fünf GenEG stellte die Veranstaltung gleichzeitig den Startschuss für das Netzwerk Wildsellerie dar. Die Veranstaltungsbeiträge und Poster wurden auf der Webseite zur In-situ-Erhaltung von WEL des IBV der BLE (<https://www.genres.de/fachportale/kultur-und-wildpflanzen/in-situ-erhaltung-von-wel/fachtagung-genetische-erhaltungsgebiete-fuer-wel>) bzw. auf dem Publikationsserver OpenAgrar (<https://www.openagrar.de>) öffentlich zur Verfügung gestellt und in einem Tagungsband (Bönisch und Bernhardt, 2020) publiziert.

Bereits zum Start des GE-Sell-Vorhabens wurde das Logo „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie“ entwickelt (Abb. 21). Dieses Logo wurde und wird bezüglich sämtlicher Arbeiten und Produkte mit Außenwirkung hinsichtlich GenEG für Wildsellerie genutzt. Dies betrifft insbesondere die Arbeiten der Fachstelle Wildsellerie und Arbeiten mit Bezug zu GenEG für Wildsellerie der lokalen

Akteure. Das Logo markiert Arbeiten und Produkte als zum Netzwerk gehörend und trägt damit zum Corporate Design bei, das den Wiedererkennungswert erhöht.



Abb. 21: Logo des Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie

Durch die genutzten Kommunikationsmittel, insbesondere die Publikationen und die Webseite <https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de>, wurden die Arbeiten zur Erhaltung der Wildsellerie-Vorkommen deutschlandweit als auch international wahrgenommen. Darauf deuten neben der Anzahl der Besucher (Tab. 9; Tab. 10) der Webseite, Anfragen seitens deutscher Artenschützer, internationaler Arbeitsgruppen und Journalisten hin. Die Information von nationalen und internationalen Akteuren kann den Aufbau von Netzwerken von GenEG für weitere WEL und in weiteren Staaten unterstützen und die weltweite Erhaltung und nachhaltige Nutzung von WEL verbessern.

Tab. 9: Anzahl der Nutzer der Webseite <https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de> in den ersten vier Monaten des Jahres 2020

Monat	Unterschiedliche Besucher
Januar 2020	101
Februar 2020	229
März 2020	102
April 2020	111

Tab. 10: Anzahl Zugriffe auf die Webseite <https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de> im Jahr 2020 bis zum 15.05.2020 sortiert nach Domain.

Domain/Länder	Zugriffe
Deutschland (.de)	1.343
Network (.net)	90
Unbekannt	143
kommerziell (.com)	87
Nicht-regierungs-Organisationen (.org)	12
Italien (.it)	30
Luxemburg (.lu)	34
Ukraine (.ua)	3
Europäische Länder (.eu)	3
Russische Föderation (.ru)	3
Türkei (.tr)	30
Saint Helena (.sh)	24
USA Educational (.edu)	31
Frankreich (.fr)	1
Polen (.pl)	1

6.2.3 Planung genetischer Erhaltungsgebiete

Für die Planung von GenEG, insbesondere für die Ausarbeitung von Vorschlägen zur Abgrenzung der Wuchs-, Migrations- und Übergangsfläche und von einem standortspezifischem Pflegeplan, wurden Aufträge an überwiegend lokale Naturschutz-Akteure (z. B. Naturschutzstationen und lokale

Botaniker) vergeben. Durch die Ortskenntnisse dieser Akteure konnten die lokalen Rahmenbedingungen und Machbarkeit bei der Einrichtung und dem Management des GenEG in besonderem Maße berücksichtigen. Gleichzeitig wurden die Akteure in ihrem Engagement für das Vorkommen bestärkt, was dem künftigen Management der Vorkommen zu Gute kommen könnte. Die Identifikation geeigneter Auftragnehmer und der Abschluss der Verträge gestalteten sich für einige Wildsellerie-Vorkommen als schwierig, so dass die Planungen und Saatgutsammlungen nicht wie geplant in der Vegetationsperiode 2018 abgeschlossen werden konnten, sondern im Jahr 2019 fortgesetzt wurden. Gründe für Probleme beim Abschluss von Aufträgen waren beispielsweise:

- Unsicherheiten des Projektteams oder der potentiellen Auftragnehmer, ob der Auftrag aufgrund trockenheitsbedingter oder anderer Beeinträchtigungen der Bestände (z. B. Mahd) hinreichend erledigt werden konnte;
- Unsicherheiten der potentiellen Auftragnehmer, ob ihre Fähigkeiten genügen, den Auftrag in ausreichender Qualität zu erledigen;
- Neubewertung der Auswahl von Vorkommen durch das Projektteam aufgrund von Empfehlungen Dritter, ein Vorkommen mit unsicherem Erhaltungszustand durch ein nahe gelegenes stabileres zu ersetzen;
- Fehlen von verfügbaren Arbeitskapazitäten bei potentiellen Auftragnehmern;
- Identifikation potentieller Auftragnehmer;
- verzögertes Einverständnis von Flächeneigentümern;
- divergierende Honorarvorstellungen.

Die Identifikation geeigneter Auftragnehmer und potentieller Betreuer für GenEG wurde im Jahr 2019 durch die NABU-Naturschutzstation Münsterland im Rahmen eines Auftrages zu 16 Vorkommen unterstützt. Die NABU-Station verfügt über Kontakte zu Institutionen und Personen, die Planungsarbeiten zur Einrichtung des GenEG durchführen und sich im Anschluss an der Erhaltung der Wildsellerie-Vorkommen beteiligen könnten. Für das *H.-inundatum*-Vorkommen bei Dinklage führte die Unterstützung durch die NABU-Naturschutzstation direkt zur Einrichtung eines GenEG, für die Bearbeitung des *H.-inundatum*-Vorkommens bei Oldenburg konnte ein Auftragnehmer identifiziert und bei weiteren acht lokalen NABU-Gruppen konnte Ansprechpartner identifiziert werden. Die Information und Kommunikation mit den örtlichen NABU-Gruppen ist noch nicht abgeschlossen und wird im Rahmen der Arbeiten der Fachstelle Wildsellerie fortgesetzt.

Trotz der Bemühungen zur Identifikation geeigneter lokaler Akteure und der Unterstützung durch die NABU-Naturschutzstation konnten aufgrund der oben genannten Gründe keine Auftragnehmer für die Kartierungsarbeiten und Saatgutsammlungen zu neun Vorkommen gefunden werden bzw. es kam nicht zum ordnungsgemäßen Abschluss eines Auftrages. Des Weiteren wurde zum *H.-nodiflorum*-Vorkommen bei Niederjosbach in Hessen aufgrund des Zusammenbruchs des Bestands vorerst auf Planungen verzichtet, da zur Art ausreichend weitere Kandidaten zur Einrichtung als GenEG bearbeitet werden konnten. Weil bereits vor Planungsbeginn bekannt wurde, dass die Einrichtung von GenEG für Wildsellerie-Vorkommen bei Paderborn und Ruitsch nicht befürwortet wird, wurden bis auf die Sammlung von *A.-graveolens*-Saatgut bei Paderborn keine weiteren Arbeiten durchgeführt. Zum Vorkommen bei Ruitsch ist durch die Neugestaltung des Einrichtungsprozesses (nun unverbindliche Erklärung statt Kooperationsvereinbarung) die Einrichtung eines GenEG ggf. doch noch möglich. Beim *A.-graveolens*-Vorkommen bei Ubstadt-Weiher wurde auf weitere Arbeiten verzichtet, da der bekanntlich schwache Bestand durch die Feldarbeit nicht

zusätzlich beeinträchtigt werden sollte und nicht davon auszugehen war, dass die erforderliche naturschutzrechtliche Genehmigung erteilt werden würde. Die Kartierung und Saatgutsammlung des *A.-graveolens*-Bestandes in der Nuthe-Notte-Niederung erfolgte im Rahmen der Arbeiten der örtlichen Naturwacht ohne einen Auftrag. Die Übergabe der erhobenen Informationen und des Saatguts an die Fachstelle steht noch aus.

Die Erfassung der erforderlichen Daten, insbesondere der Wuchsfläche, war im Jahr 2018 und teils auch in 2019, durch anhaltende Dürren erschwert bzw. war bei einigen Vorkommen nicht möglich, da die Präsenz der Wildsellerie-Arten maßgeblich von einer ausreichenden Bodenfeuchte abhängt. Aus diesem Grund sowie wegen der Verzögerungen bei der Auftragsvergabe wurden die Arbeiten im Jahr 2019 fortgesetzt. Bis zum Projektende lagen entsprechende Planungen von 42 Vorkommen vor. Informationen zum Stand der Planungen zu spezifischen Vorkommen sind dem Anhang VII zu entnehmen.

Durch die Abgrenzung eines GenEG ist die Identifikation der erforderlichen Flurstücke möglich. Diese gestaltete sich aufwändig, insbesondere bei Vorkommen in Bundesländern, bei denen Flurstück-Karten nicht oder nur eingeschränkt (z. B. ohne Flurstück-Nummern) öffentlich zur Verfügung standen. Sind Flurstücke oder ihre Kennung nicht bekannt, können diese mithilfe von Karten beim Grundbuchamt oder ähnlichen behördlichen Einrichtungen (i. d. R. kostenpflichtig) oder u. U. bei lokalen Akteuren erfragt werden. Beim GE-Sell-Vorhaben wurde für einige Flurstücke festgestellt, dass die durch Dritte übermittelten Angaben teils fehlerhaft waren.

Sind die GenEG betreffenden Flurstücke bekannt, ist die Identifikation der Flächeneigentümer möglich. Sie kann durch das Vermessungs- oder Grundbuchamt o. ä. Institutionen oder lokale Akteure erfolgen. Für die Bereitstellung von Informationen durch die Ämter oder die Gemeinde ist das berechnete Interesse nachzuweisen. Ob lokale Akteure wie z. B. Naturschutzbehörden oder –stationen über die erforderlichen Informationen (Name und Kontaktadresse des Flächeneigentümers) verfügen und diese zur Verfügung stellen können, ist für jedes Vorkommen einzeln zu klären. Ein Erschwernis bei der Identifikation stellt die Datenschutzgrundverordnung dar, durch die die Weitergabe der Informationen nur mit dem Einverständnis des Betroffenen möglich ist (ggf. nur zutreffend auf Privatpersonen). Aus diesem Grund konnte die Identifikation in der Praxis häufig nicht unterstützt werden. Mitunter wurden Informationen an die betroffenen Eigentümer weitergegeben, damit sie sich selbst mit dem Projektteam in Verbindung setzen können. Das war nur für wenige Flurstücke erfolgreich. War ein lokaler Akteur und zugehörige Kontaktadresse schlussendlich bekannt, wurde der Akteur über das Vorhaben und die Rahmenbedingungen zur Einrichtung eines GenEG informiert und um Unterstützung gebeten.

Ob die Einrichtung eines GenEG wegen vertraglich geregelter Nutzungsrechte darüber hinaus mit weiteren Akteuren, z. B. Flächenpächtern, abzustimmen ist und wer solche Akteure sind, kann i.d.R. nur mit den Flächeneigentümern geklärt werden. Bei Grundbuchämtern, Gemeinden etc. liegen die erforderlichen Informationen häufig nicht vor. Dieser Abstimmungsprozess bedeutet für die Flächeneigentümer einen Mehraufwand. Weil die meisten Flächeneigentümer es für die GenEG als nicht erforderlich ansahen, Pächter mit einzubinden oder die Kontaktaufnahme mit den Pächtern nicht unterstützten, konnte noch keine hinreichende Abstimmung mit ggf. vorhandenen Pächtern bzw. Bewirtschaftern bei der Einrichtung von GenEG erfolgen.

Spätestens nach dem Einverständnis der Eigentümer und ggf. Pächter zur Einrichtung eines GenEG ist ein lokaler Akteur zu identifizieren, der die Durchführung von Maßnahmen zur Erhaltung eines Wildsellerie-Vorkommens im Rahmen seiner Möglichkeiten unterstützen möchte. Ist der Flächeneigentümer selbst eine dauerhaft tätige Institution, z. B. die Gemeinde, und erklärt sie, die Erhaltung zu unterstützen, ist kein weiterer Akteur zwingend erforderlich zur Einrichtung eines GenEG. Weitere Informationen zum Stand der Identifikation und Abstimmung mit lokalen Akteuren für jedes Vorkommen befinden sich im Anhang VII.

6.2.4 Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete

Die ersten fünf GenEG wurden zum Juni 2019 durch die Unterzeichnung entsprechender Erklärungen eingerichtet. Auf der Abschlussveranstaltung des GE-Sell-Projekts fand dazu die feierliche Übergabe der Urkunden an Personen und Institutionen statt, welche erklärt haben, die Erhaltung eines Wildsellerie-Vorkommens in einem GenEG zu unterstützen (Abb. 22).



Abb. 22: Auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul des Artenschutzes“ im Jahr 2019 wurden die ersten Urkunden an Personen und Institutionen übergeben, welche die Erhaltung von Wildsellerie-Vorkommen unterstützen (Foto: S. Hahn, JKI).

Bis zum Projektende im November 2019 wurden für acht und anschließend bis zum Juni 2020 für zwei weitere Vorkommen GenEG eingerichtet. Insgesamt sind damit bis heute 15 GenEG eingerichtet (Tab. 11).

Die Fachstelle Wildsellerie wird die Einrichtung von GenEG weiter vorantreiben, um das Ziel von 45 GenEG in den kommenden Monaten zu erreichen.

Tab. 11: Vorkommen, für die bis zum Juni 2020 bereits genetische Erhaltungsgebiete (GenEG) eingerichtet wurden. Angegeben ist die Anzahl der Flurstücke, für die die Eigentümer eine Einverständniserklärung zur Einrichtung und zum Management des GenEG unterzeichnet haben, der Status der Eigentümer und der Status des Akteurs (Spalte „Unterstützer“), der erklärt hat, die Durchführung geeigneter Maßnahmen für die Erhaltung des Wildsellerie-Vorkommens zu unterstützen.

Ort (Kurz-ID) ¹	Anzahl Flurstücke	Eigentümer	Unterstützer
GenEG für <i>Apium graveolens</i>			
bei Ubstadt-Weiher in Baden-Württemberg (BW-UB)	2	Gemeinde Ubstadt-Weiher	Eigentümer
bei Sülzetal in Sachsen-Anhalt (ST-SÜLNO, ST-SÜLLW)	15	Einheitsgemeinde Sülzetal; Privatperson	Eigentümer; Landschaftspflegeverband „Grüne Umwelt“ e. V.; Natur- und Umweltamt des Landkreis Börde
bei Staßfurt in Sachsen-Anhalt (ST-HECBE)	5	NABU-Stiftung Nationales Naturerbe	Eigentümer
bei Wolmirstedt in Sachsen-Anhalt (ST-ZIELI)	8	K+S Minerals and Agriculture GmbH, Werk Zielitz	Eigentümer; Natur- und Umweltamt des Landkreis Börde
bei Nidda in Hessen (HE-BS)	1	Stadt Nidda	Eigentümer; Fachstelle Naturschutz und Landschaftspflege des Wetteraukreis; PlanWerk – Büro für ökologische Fachplanungen
GenEG für <i>Helosciadium repens</i>			
bei Rathenow in Brandenburg (Bbg-SE)	3	Stadt Rathenow	NABU Regionalverband Westhavelland e. V.
beim Chiemsee in Bayern (BY-TS_WINK (1001))	1	Bayerische Staatsforsten, verwaltet durch Forstbetrieb Ruhpolding	Eigentümer
bei Mindelheim in Bayern (BY-MB_SALG)	1	Gemeinde	Landschaftspflegeverband Unterallgäu e. V.
beim Tegernsee in Bayern (BY-MB_TRIN)	3	Weißachau-Gemeinschaft (derzeit 27 Beteiligte)	Eigentümer; UNB des Landkreis Miesbach
bei der Müritz in Mecklenburg-Vorpommern (MV-GS)	4	Stiftung Umwelt – und Naturschutz Mecklenburg-Vorpommern	Eigentümer
GenEG für <i>Helosciadium inundatum</i>			
bei Warendorf in Nordrhein-Westfalen (NRW-WA)	1	Stadt Warendorf	NABU-Naturschutzstation Münsterland
in der Aller-Talsandebene in Niedersachsen (NDS-EF)	2	Privatperson	Eigentümer; NABU Wienhausen e. V.
bei Wittingen in Niedersachsen (NDS-LÜ)	1	Gemeinde Wittingen	Koordinationsstelle der Natur- und Umweltschutzverbände im Landkreis Gifhorn (KONU)
bei Dinklage in Niedersachsen (NI-DL)	2	Stadt Dinklage	Eigentümer; Naturschutzbund Kreisgruppe Vechta – Ortsgruppe Dinklage
Bei Oldenburg in Niedersachsen (NI-BH)	1	Hunte-Wasseracht (Wasser- und Bodenverband)	Eigentümer

¹Die vollständige ID eines Vorkommens besteht zusätzlich aus einer Datum- und Zeitangabe, die sich auf die Präsenzkontrolle bezieht. Die vollständigen IDs sind im Datenportal des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie“ (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) einsehbar.

Für ein weiteres Vorkommen liegt bereits das Einverständnis des Eigentümers eines Flurstücks vor und ein örtlicher Naturschutzakteur hat die Unterstützung in Aussicht gestellt. Die Einrichtung des GenEG ist noch nicht abgeschlossen, da das für dieses Vorkommen zwingend erforderliche

Einverständnis des Pächters, einer Gemeinde, vermutlich aus organisatorischen Gründen noch nicht erklärt wurde. Für weitere drei Vorkommen haben sich die zwingend einzubeziehenden lokalen Akteure bereits für eine Einrichtung ausgesprochen. Für diese Vorkommen ist nun noch die Unterzeichnung der Erklärungen zu veranlassen. Für neun Vorkommen sind die Akteure hinreichend bekannt. Sie sind grundsätzlich kooperationsbereit und haben Interesse an der Einrichtung eines GenEG signalisiert. Für 22 Vorkommen ist noch offen, ob die Einrichtung von GenEG gelingt, weil wesentliche Akteure noch nicht identifiziert sind oder die Kommunikation mit ihnen noch aussteht oder nicht abgeschlossen ist. Für zwei Vorkommen finden vorerst keine weiteren Bemühungen zur Einrichtung von GenEG statt, da sie sich zuletzt in sehr schlechten Erhaltungszustand befanden oder die Extinktion des Bestandes abzusehen ist. Lediglich für drei Vorkommen ist aufgrund einer Absage von lokalen Akteuren eine zeitnahe Einrichtung eines GenEG nicht möglich. Als Gründe dafür wurde angegeben, dass die Flächeneigentümer und –bewirtschafter nicht damit einverstanden sind, dass die Wuchsfelder betreten werden (z. B. für das Monitoring), insbesondere, da es sich um beweidete Flächen handelt. Zwei der Vorkommen befinden sich bereits im Fokus des Artenschutzes und die lokalen Akteure stehen unter Druck, die naturschutzrechtlichen Bestimmungen einzuhalten oder haben schlechte Erfahrungen im Zusammenhang mit Artenschutz. Es wird befürchtet, dass durch die Einrichtung eines GenEG weiterer Aufwand entsteht bzw. künftig Auflagen entstehen könnten. Grundsätzlich wird der Mehrwert durch die Einrichtung eines GenEG als zu gering eingeschätzt.

Wie viel Kommunikation zur Einrichtung eines GenEG erforderlich ist, wie viel Zeit bis zur Unterzeichnung der erforderlichen Erklärungen vergeht und ob lokalen Akteure die Erklärung letztlich unterzeichnen, hängt insbesondere von folgenden Rahmenbedingungen beim lokalen Akteur ab:

- persönliche Erfahrungen und Einstellung des lokalen Akteurs in Bezug zu den Themen Naturschutz, Landwirtschaft, Vernetzung und Behörden;
- Erreichbarkeit des lokalen Akteurs;
- Auslastung des lokalen Akteurs;
- (potentielle/künftige) negative Auswirkung der Einrichtung von GenEG auf die wirtschaftliche, private oder sonstige Nutzung oder Unterhaltung des Standortes, wie z. B. Nutzungseinschränkung, Anpassungen bei der Pflege und Unterhaltung, oder zusätzlicher Aufwand für Abstimmungen;
- Bedarf an Unterstützung bei der Erhaltung des Zielvorkommens, z. B. Beratung, Mitteilung wissenschaftlicher Erkenntnisse, Vernetzung mit anderen Netzwerk-Partnern;
- Bedürfnis nach (öffentlichkeitswirksamer) Wertschätzung des Engagements, z. B. mittels einer Urkunde.

Die Einrichtung eines GenEG ist ein geeigneter Anlass, um auf das Engagement des lokalen Akteurs aufmerksam zu machen und dieses wertzuschätzen. Im GE-Sell-Vorhaben wurden neben der Urkundenübergabe im Rahmen der Abschlussveranstaltung (Abb. 22) lediglich für das GenEG bei Nidda die Urkunden öffentlichkeitswirksam übergeben. Die persönliche Übergabe ermöglichte es, das bereits langjährige Engagement der lokalen Akteure in besonderem Maße zu würdigen. Über die Einrichtung des GenEG und die Urkundenübergabe wurde in der lokalen Presse berichtet (Wetterauer Zeitung, 2020). Auch ohne persönliche Übergabe der Urkunde berichteten einige lokale Akteure mit Pressemitteilungen oder Beiträgen auf Webseiten über die Einrichtung von GenEG. Für das GenEG bei Ubstadt-Weiher und das GenEG bei Sülzetal wurden zudem Informationstafeln entworfen, die am Wuchsstandort installiert wurden oder in Kürze werden. Für das GenEG beim

Tegernsee wurde bisher Interesse an einer Informationstafel geäußert. Für diese drei GenEG wurde eine Tafel befürwortet, da sie sich zentral im Siedlungsbereich bzw. an Sparzieren befinden und Standorte bzw. Zielarten-Bestände betreffen, über die die lokalen Akteure bereits informieren. Durch die neuen Schilder soll auf das ergänzende Schutzziel und die Bedeutung des Zielartenbestandes aufgeklärt werden. Für die Finanzierung der Tafeln sind die lokalen Akteure verantwortlich. Die Fachstelle unterstützt die Akteure bei der Erstellung von Förderanträgen. Akteure anderer GenEG lehnten, unabhängig von der Finanzierungsfrage, eine Aufstellung von Informationstafeln ab, u. a. mit folgenden Begründungen:

- Der Zielartenbestand befindet sich sehr abgelegen. Eine Tafel beim GenEG kann im Wesentlichen nicht wahrgenommen werden, weil es keinen Besucherverkehr gibt.
- Das GenEG betrifft einen „sensiblen“ Zielartenbestand. Durch eine Informationstafel könnte sich der Besucherverkehr, ggf. in Verbindung mit Entnahme von Pflanzenmaterial (zur Sammlung von „Raritäten“ oder Nutzung als Wildgemüse), in solchem Maß erhöhen, dass die Störungen den Bestand gefährden.
- Das GenEG befindet sich auf einem Privatgrundstück. Eine Beschilderung und das damit ggf. verbundene Betreten durch Besuchsverkehr werden nicht gewünscht.
- In der Landschaft befinden sich bereits ausreichend Informationstafeln.
- Am Standort gibt es bereits Informationstafeln, die mindestens teilweise bereits über die Zielart und ihren Bestand informieren. Eine weitere oder eine Ergänzung werden nicht gewünscht.
- Die örtliche Bevölkerung steht aus unterschiedlichen Gründen Naturschutzaktivitäten kritisch gegenüber.

6.2.5 Monitoring und Management genetischer Erhaltungsgebiete

Als Basis für künftige Monitoring wurden Dauerbeobachtungsflächen eingerichtet und als Vergleichsgrundlage Daten zum Zielartenbestand und dessen Demographie sowie zur genetischen Diversität erfasst. Künftige Monitorings zu GenEG könnten im Rahmen von Aufträgen für Bestandsaufnahmen und Erhebungen und nichtwissenschaftlichen Untersuchungen im Bereich Biologische Vielfalt (https://www.ble.de/DE/Projektfoerderung/Foerderungen-Auftraege/BV-Erhebungen/bv-erhebungen_node.html) erfolgen, die die BLE im Auftrag des BMEL vergibt. Eine Voraussetzung für die Nutzung dieser Mittel dürfte die Einrichtung eines GenEG für das Zielvorkommen sein.

6.2.5.1 Demographisches Monitoring

Die Einrichtung von Monitoring-Flächen und erste Erhebungen von Daten zum Vorkommen entsprechend dem Monitoring-Steckbrief im GenEG war Bestandteil der Aufträge an überwiegend lokale Naturschutz-Akteure (z. B. Naturschutzstationen, lokale Botaniker) im Rahmen der Planungen zum GenEG. Die Erfassung der erforderlichen Bestandsdaten war durch anhaltende Dürren im Jahr 2018 und teils auch 2019 für einige Vorkommen erschwert, da die Präsenz der Wildsellerie-Arten maßgeblich von einer ausreichenden Bodenfeuchte abhängt. Für einige Vorkommen waren mehrfache Standortbegehungen erforderlich, bis hinreichend gute Wuchsbedingungen vorgefunden wurden. Die bei nur wenigen Vorkommen bereits vorhandenen Monitoring-Flächen (z. B. für FFH-Kartierungen) konnten nicht genutzt werden, da sie andere Abmaße als ein 1-Meter-Quadrat hatten oder sich außerhalb der Wuchsfläche befanden. Für 37 Vorkommen wurden Monitoring-Flächen eingerichtet und entsprechende Monitoring-Daten liegen der Fachstelle Wildsellerie vor (Anhang

VII). Von einem weiteren Vorkommen befinden sich die Monitoring-Daten beim naturschutzfachlichen Ansprechpartner und werden zeitnah übermittelt.

Das Monitoring sollte entsprechend dem erarbeiteten Datenerhebungsbogen und unter Berücksichtigung der Monitoring-Flächen künftig mindestens alle 6 Jahre, vorzugsweise alle 3 Jahre, stattfinden. Dadurch würde ausreichend Zeit für die Verbesserung des Erhaltungszustands im Rahmen der Möglichkeiten zur Verfügung stehen, wenn beim Monitoring eine Verschlechterung festgestellt wird. Die Kosten für die Datenerhebung beim Monitoring werden nach den Erfahrungen aus dem GE-Sell-Projekt zwischen 250 € und 750 € je Vorkommen betragen. Die Kosten hängen u. a. davon ab, ob das Monitoring in Verbindung mit weiteren Arbeiten vor Ort durchgeführt wird, von den Anfahrtskosten des Auftragnehmers zum Vorkommen sowie von den Vorkenntnissen des Auftragnehmers zur Art, zum Vorkommen und zur Methodik. Idealerweise erfolgt die Datenerhebung je Vorkommen während mehrerer Monitoring-Durchgänge von derselben Person. Dadurch können deren Kenntnisse zur Entwicklung des Vorkommens in die Bewertung des Erhaltungszustandes einfließen, subjektive Beurteilungsfehler vermieden und Unterschiede in der Methodik reduziert werden.

6.2.5.2 Genetisches Monitoring

Die Grundlage des genetischen Monitorings sind die im Rahmen der Diversitätsanalysen erfassten Informationen (Baseline) zu den Wildsellerie-Vorkommen sowie die bereits entwickelten SSR-Marker. Das genetische Monitoring ist deutlich aufwändiger und kostenintensiver als das demographische Monitoring, da neben Arbeiten vor Ort (Sammlung von Blattmaterial) auch Arbeiten im Labor durchgeführt werden, für das besonders geschultes Personal und ein spezielles Analyse-Equipment erforderlich ist. Die Kosten für die georeferenzierte Entnahme von ca. 35 Blattproben an einem Standort betragen rund 500 €. Die Kosten für die genetische Analyse hängen von der gewählten Methode (z. B. Analyse mittels Mikrosatelliten) und aktuellen Marktpreisen ab. Entsprechend den Erfahrungen aus dem GE-Sell-Projekt sind allein für das Verbrauchsmaterial bei der genetischen Analyse eines Vorkommens (30 Individuen mit 16 Markern) circa 1.500 € zu veranschlagen. Die Größenordnung orientiert sich an den Marktpreisen des Jahres 2016 und dem Probenumfang der Bearbeitung von 30 Vorkommen und beinhaltet keine Kosten für Personal und Geräteausstattung. Insbesondere Preissteigerungen, erhöhte Kosten je Probe infolge eines geringeren Gesamt-Probenumfangs, Finanzierung von Personal oder Nutzung spezieller Analysetechnik sowie erforderliche Modifikationen der Analyseverfahren können höhere Kosten verursachen. Angesichts des skizzierten Aufwands empfehlen wir, das genetische Monitoring vorzugsweise anlassbezogen durchzuführen, wenn z. B. im Rahmen des demographischen Monitoring festgestellt wird, dass sich der Erhaltungszustand eines Vorkommens verschlechtert oder zunehmend weniger generative Reproduktion erfolgt. Die Untersuchung von Veränderungen der Allelhäufigkeiten als Indikator der genetischen Diversität über einen bestimmten Zeitraum, z. B. alle zehn Jahre, könnten wichtige Erkenntnisse zur evolutiven Entwicklung der Wildpopulationen liefern.

6.2.5.3 Managementmaßnahmen zur Herstellung eines günstigen Erhaltungszustandes und Verbesserung der genetischen Diversität

Die im Rahmen des Monitorings erhobenen Daten und Bewertungen von Erhaltungszuständen sollten zur Aktualisierung sowie als Voraussetzung für weiteres Zusammenarbeiten mit den zuständigen Naturschutzbehörden geteilt werden. Wird beim demographischen Monitoring festgestellt,

dass sich der Erhaltungszustand von Vorkommen verschlechtert, sind die Rahmenbedingungen zu überprüfen und nach Möglichkeit in Abstimmung mit den lokalen Akteuren anzupassen. Darüber hinaus sollte u. U. im Rahmen eines anlassbezogenen genetischen Monitorings untersucht werden, ob sich die Verschlechterung des Erhaltungszustandes auch auf die genetische Zusammensetzung des Vorkommens ausgewirkt hat. Bei bereits gefährdeten Beständen ist darauf zu achten, dass die Blattprobenentnahme das Vorkommen nicht zusätzlich beeinträchtigt. Wird anhand von genetischen Analysen ein Rückgang an genetischer Diversität eines Vorkommens festgestellt, sind die Begleitumstände genauer zu untersuchen. So ist z. B. zu prüfen, ob offene Bodenstellen zum Keimen vorhanden sind oder ob Fruchtstände bereits vor der Reife abgemäht werden. Entsprechend den Untersuchungsergebnissen sind in Abstimmung mit den lokalen Akteuren Gegenmaßnahmen zu treffen, z. B. offene Bodenstellen zu schaffen, Teilvorkommen vor Störungen (z. B. Mahd, Beweidung) zu schützen oder eine Spiegelpopulation in der näheren Umgebung anzulegen. Durch die Auftragnehmer wurden zu jedem Vorkommen bereits Pflegepläne oder Handlungsempfehlungen (siehe Anhang VII) erarbeitet. Im Rahmen der Einrichtung von GenEG ist die Umsetzung dieser Empfehlungen mit den lokalen Akteuren zu erörtern.

6.2.6 Sammlung, Einlagerung und Bereitstellung von Ex-situ-Saatgutmustern

6.2.6.1 Sammlung von Saatgut

Die Sammlung von Saatgut erfolgte im Rahmen der Aufträge zur Planung von GenEG und des Monitorings. Durch langanhaltende Dürren in den Jahren 2018 und 2019 produzierten einige Vorkommen nur wenig oder kein Saatgut. Die Ernte war insbesondere bei den sehr niedrigwüchsigen und zierlichen *H. inundatum* und *H. repens* sehr aufwändig. Darüber hinaus bilden flutend vorkommende *H.-repens*- und *H.-inundatum*-Bestände häufig kein Saatgut aus. Bei anderen Vorkommen war keine oder nur eine eingeschränkte Saatgut-Sammlung möglich, wenn die Fruchtstände abgemäht oder durch Weidetiere abgefressen waren. Für einige Vorkommen waren mehrfache Standortbegehungen erforderlich, bis Saatgut in hinreichender Menge gesammelt werden konnte. Grundsätzlich wurden die angestrebten 5.000 Samen je Vorkommen aufgrund zu weniger Fruchtstände meist nicht erreicht. Als Alternative für die Gewinnung von Saatgut von Vorkommen, bei denen die Sammlung nicht oder nur eingeschränkt möglich ist, können lebende Exemplare am Standort entnommen werden und unter kontrollierten Bedingungen zur Samenreife gebracht werden. Dieses Verfahren wurde im GE-Sell-Projekt für ein *H.-repens*-Vorkommen erfolgreich angewendet. Im Herbst des Jahres 2019 wurden von zwei weiteren *H.-repens*-Wuchsorten Exemplare entnommen, von denen dann voraussichtlich im Sommer 2020 Saatgut geerntet werden kann. Insgesamt konnte bisher von 29 Vorkommen Saatgut gesammelt werden (Anhang VII).

Da von vielen Vorkommen noch nicht (ausreichend) Saatgut gesammelt werden konnte und in die Genbank eingelagertes Saatgut nur eine bestimmte Zeit keimfähig bleibt, empfehlen wir, die Saatguternte fortzusetzen bzw. diese regelmäßig durchzuführen. Über welche Zeitdauer die Keimfähigkeit von Wildarten in Genbanken erhalten werden kann, hängt u. a. vom verwendeten Verfahren und den Eigenschaften des Saatguts ab und ist für die meisten Arten noch unbekannt, so auch für die Wildsellerie-Arten. Aus diesem Grund können keine Angaben zur Frequenz der Saatgutsammlungen gemacht werden. Da aber in jedem Fall die Saatgutsammlung von äußeren Einflüssen abhängig ist, empfehlen wir, eine Saatgutsammlung mindestens alle zehn Jahre oder z. B. in Verbindung mit dem demographischen Monitoring anzustreben. Durch eine regelmäßige Sammlung wird die eingelagerte

Diversität erhöht, Adaptionen an Umweltbedingungen ex situ konserviert und nicht mehr keimfähiges Saatgut kann ersetzt werden. Die Sammlung von Saatgut von einem Vorkommen kann zwischen 250 und 750 € kosten in Abhängigkeit von der Ausdehnung der Wuchsfläche und Bestandsgröße sowie weiterer individueller Rahmenbedingungen (siehe Abschnitt 6.2.5). Höhere Kosten können darüber hinaus entstehen, wenn aufgrund von ungünstigen Habitatbedingungen mehrfache Versuche bis zur erfolgreichen Saatgutsammlung erforderlich sind.

6.2.6.2 Einlagerung und Bereitstellung des Saatguts

Durch die teilweise mehrfache Sammlung von Wildsellerie-Saatgut an einem Standort und getrennte Einlagerung von Saatgut je Exemplar oder Teilvorkommen wurden 75 Akzessionen zu 22 Vorkommen in der Genbank WEL eingelagert. Von weiteren sechs Vorkommen liegt Saatgut der Fachstelle Wildsellerie vor und wird in Kürze in der Genbank WEL eingelagert. Mit der Unterzeichnung der Einverständniserklärung zur Einrichtung und zum Management eines GenEG erklärten die Flächeneigentümer und bzw. -nutzer ihr Einverständnis, dass Saatgut der Zielart nach Maßgabe des Naturschutzrechts in der Genbank WEL eingelagert und von dieser zu Bedingungen des SMTA zum Zwecke der Ausbildung, Forschung, Erhaltung und Züchtung sowie zum Wissenstransfer an Dritte abgegeben werden darf. Die Problematik des Access and Benefit Sharing wurde diskutiert und Ergebnisse publiziert (Metge et al., 2016).

6.3 Datenmanagement

6.3.1 Aufbau und Implementierung einer webbasierten, raumbezogenen Datenbank

Für die Organisation und Speicherung der neu erhobenen Daten wurde im webbasierten „Botanischen Kartierungsportal“ (<http://vm323.rz.uos.de/mapportal>) eine zugangsbeschränkte GE-Sell-spezifische Anwendung erstellt. Die Anwendung ermöglicht es, zu jedem Vorkommen Steckbrief- und Lagedaten darzustellen. Die Datenbank beinhaltet Informationen zu 399 im Rahmen der Präsenzkontrollen begutachteten Standorten mit bestätigten als auch nicht bestätigten Art-Fundorten. In der Datenbank können zu jedem Vorkommen Informationen in drei Steckbriefen abgelegt werden: dem Steckbrief zu Basisdaten (entspricht dem Erhebungsbogen für die Kartierungen im Jahr 2015, siehe Anhang I), dem Steckbrief zu Zusatzdaten (entspricht dem Erhebungsbogen der Kartierung im Jahr 2016, enthält Angaben zur Blattprobenentnahme, siehe Anhang III) und dem Steckbrief zu den genetischen Analysen. Darüber hinaus kann die Anwendung GenEG Karten- und webbasiert darstellen, dokumentieren sowie verwalten und Monitoring-Ereignisse erfassen und dokumentieren. Die Bereiche zur Ansicht und Bearbeitung sind entsprechend der jeweiligen Zugangsberechtigung (Kordinator, Kartierer, Gast) differenziert. Durch Koordinatoren können Daten exportiert und einige der Veränderungen an Daten verifiziert werden. Mit Hilfe der Erfassungsplattform der GE-Sell-Anwendung konnten die Kartierer die im Jahr 2016 erhobenen Steckbrief-Daten online eingeben. Die kartenbasierte Anwendung ermöglichte ihnen zudem das Eintragen von Wuchsflächenpolygonen in die Datenbank. Darüber hinaus konnten sie die im Jahr 2015 erhobenen Daten einsehen und, falls angezeigt, korrigieren. Das in der Planung vorgesehene mobile Aufnahmesystem für Smartphone und Tablet sowie ein Werkzeug zur Kartierung von Einzelpflanzen wurde nicht entwickelt, da die Kosten den Nutzen (nur geringer Bedarf bei Kartierern, nur kurze Einsatzdauer, günstigere Alternativen vorhanden) überstiegen hätten, insbesondere, weil die Kartierungsfunktionen erst in Vorbereitung der Datenerfassung in der Vegetationsperiode des Jahres 2016 fertiggestellt wurden.

Leider fehlte die für die Betreuung des Botanischen Kartierungsportals und der GE-Sell-Anwendung erforderliche dauerhafte Finanzierung eines IT-Experten und es bestand noch vereinzelt Nachbesserungsbedarf in der GE-Sell-Anwendung, für die der IT-Experte nicht mehr verfügbar war. Aus diesem Grund wurde in Übereinkunft des Projektteams mit der BLE und dem BMEL die GE-Sell-Anwendung im Rahmen eines Auftrages bei „Deutschlandflora“ in Anlehnung an das „Botanische Kartierungsportal“ neu implementiert. Die GE-Sell-Anwendung „Datenportal des Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie“ (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) knüpft an eine zentrale Deutschlandflora-Komponente an. Sie bietet webbasierte, nutzerspezifische Oberflächen für Dateneingaben und Abfrage-Möglichkeiten. Die technische Systementwicklung erfolgte auf Basis des Content Managementsystems Drupal unter Verwendung der zur Anbindung an das INDICIA-Warehouse entwickelten Komponenten. Sowohl bei Drupal, als auch den INDICIA-Komponenten handelt es sich um Open Source. Es fallen daher keine Lizenzkosten an. Die langfristige Betreuung des Datenportals (z. B. Updates, Sicherheitszertifikate, Fehlerbehebung) wird künftig durch JKI erfolgen.

Die Startseite der neuen Anwendung enthält allgemeine Informationen zum Netzwerk Wildsellerie und den Zugang zum nicht-öffentlichen Nutzerbereich. Der zugangsgeschützte Bereich gliedert sich in die Rubriken „Vorkommen“ und „Erhaltungsgebiete“. Zu jeder Rubrik können eine kartographische und tabellarische Übersicht zu Vorkommen bzw. Erhaltungsgebieten aufgerufen und neue Einträge erstellt werden. In der Übersicht der Vorkommen sind bestätigte als auch nicht bestätigte Funde enthalten. Die Daten können nach Kriterien gefiltert oder nach Datensätzen durchsucht oder nach bestimmten Merkmalen sortiert werden. Detaillierte Informationen, die im Rahmen der Kartierungen erhoben oder bei der genetischen Analyse erzeugt wurden, können eingesehen und bearbeitet werden. Auch in der Übersicht der Erhaltungsgebiete können die Daten durchsucht und sortiert und Details zu den Gebieten aufgerufen werden. Zu jedem GenEG können Monitoring-Daten eingegeben und aufgerufen werden. Monitoring-Ereignisse können in einer Übersicht dargestellt werden.

Die GE-Sell-Anwendung unterscheidet im zugangsgeschützten Bereich mehrere Nutzerrollen:

- Die Administrator-Rolle wird durch den IT-Experten wahrgenommen, der die Anwendung technisch betreut.
- Die Koordinator-Rolle hat die Fachstelle Wildsellerie inne. Sie betreut die Anwendung inhaltlich, gibt neue Daten ein, prüft Datenveränderungen von Kartierern mittels der Verifikationsfunktion und vergibt neue Zugänge bzw. ordnet Nutzern Rollen zu. Der Koordinator kann Daten als csv-Datei exportieren.
- Die Kartierer-Rolle wird durch den Koordinator an Personen vergeben, die für bestimmte Regionen Daten eingeben können.
- Die Rolle des angemeldeten Nutzers kann Daten im zugangsgeschützten Bereich einsehen, jedoch nicht verändern.

Gäste als nicht registrierte Nutzer haben bisher lediglich Zugang auf die Startseite. In Kürze sollen auch die Übersichten zu den Vorkommen und GenEG ohne Zugang einsehbar sein, jedoch ohne die Darstellung lagescharfer Daten oder den Zugang zu Detailinformationen. Die GE-Sell-Anwendung bei Deutschlandflora wird sich im Jahr 2020 noch in der Testphase befinden und anschließend für die Nutzung durch Kartierer, z. B. im Rahmen künftiger Monitoring, durch Naturschutz-Akteure und Beteiligte am Netzwerk Wildsellerie sowie weiteren Interessierten zur Verfügung stehen.

6.3.2 Einbindung der Daten in Datenbanken

Die im Rahmen des GE-Sell-Projekts für die Vorkommen standardisiert erhobenen Daten wurden nach Absprache den betreffenden Naturschutzbehörden übermittelt und stehen damit für die Integration in die Naturschutzdatenbanken zur Verfügung. Informationen zu den 55 Kandidaten-Vorkommen für die Einrichtung von GenEG wurden entsprechend der Deskriptorenliste (Anhang IX) der Rahmenvereinbarung zwischen dem JKI und der BLE an das IBV der BLE übermittelt und können künftig im Nationalen Inventar Pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland (PGRDEU; <https://pgrdeu.genres.de>) dargestellt werden. Durch die Implementierung des Datenportals des Netzwerks Wildsellerie bei Deutschlandflora (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) sind die dort abgelegten Informationen in der zentralen Deutschlandflora-Datenbank integriert und können nach Absprache weiteren Naturschutz-Akteuren oder für Projekte bereitgestellt werden. Informationen zum gesammelten Saatgut wurden entsprechend dem Sammelbogen der Anleitung von ENSCONET (2009) an die Genbank WEL übergeben und werden in der Datenbank der Genbank aufgenommen.

7 Diskussion

Der Verlust an Artenvielfalt schreitet unaufhaltsam voran. Besonders besorgniserregend ist der Verlust innerartlicher genetischer Vielfalt von WVK-Arten, die als genetische Ressource für die Pflanzenzüchtung unverzichtbar sind. Auch die vier im Projekt bearbeiteten Wildsellerie-Arten sind gefährdet (Metzing et al., 2018). Der Aufbau von Netzwerken von GenEG dient vorrangig der Erhaltung dynamischer Reproduktions- und Regenerationsprozesse, die in der Vergangenheit jene genetische Variation hervorbrachten, die es heute zu erhalten gilt. Schutzmaßnahmen betreffen das Vorkommen (die genetische Ressource) und das Habitat (die ökologischen Rahmenbedingungen). Genetische Ressourcen und ein funktionsfähiges Ökosystem sind Voraussetzung dafür, dass eine Art jene genetische Variation erzeugen kann, die sie für die Anpassung an künftig veränderte Umweltbedingungen benötigt.

Mit dem MuD-Vorhaben gelang es, die ersten GenEG in Deutschland einzurichten und den Einrichtungsprozess zu etablieren. Grundsätzliche Herausforderungen und Handlungserfordernisse werden in Frese und Bönisch (2020) aufgezeigt. Das deutsche Netzwerk Wildsellerie deckt alle in Deutschland vorkommenden Arten des Genpools einer Kulturpflanze ab. Das erarbeitete Verfahren kann für den Aufbau eines europäischen Netzwerks von GenEG für Wildsellerie-Arten sowie von Netzwerken von GenEG für weitere WEL entsprechend dem floristischen Lösungsansatz (z. B. bei WEL-Hotspots) oder dem Schirmartenansatz (Iriondo, 2012) genutzt werden, um unsere pflanzengenetischen Ressourcen zu sichern. Damit leistet es zusammen mit weiteren Projekten mit WEL-Bezug (Thormann, 2020) einen wichtigen Beitrag zu den Arbeiten des Europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) und weiterer internationaler Initiativen wie z. B. Farmers Pride (<http://www.farmerspride.eu>). Darüber hinaus konnten Akteure aus dem Naturschutzsektor für die Erhaltung von pflanzengenetischen Ressourcen sensibilisiert werden. Grundlage für den Erfolg der Initiative ist die Einrichtung einer zentralen Stelle, die das Netzwerk auch nach dessen Gründung aufrechterhält. In der Regel ist dafür eine dauerhafte Finanzierung erforderlich. Beim GE-Sell-Projekt gelang diese Verstetigung durch die Einrichtung der Fachstelle Wildsellerie am JKI durch das BMEL.

Im GE-Sell-Projekt wurden Vorkommen für die Ausweisung von GenEG anhand von Basisdaten und der durch das Projektteam pragmatisch interpretierten Kriterien von Iriondo et al. (2012) ausgewählt. Dies erleichterte die Initiierung des Netzwerks. Die Wildsellerie-Fundortangaben der Landesbehörden stellten die wesentliche Grundlage zur Identifizierung von Vorkommen dar, die für den Aufbau eines Netzwerks Wildsellerie geeignet sind. Dass die Daten der Behörden unterschiedlich strukturiert sind und mitunter unzureichend aktuell oder unvollständig waren, erschwerte diesen Prozess schon im ersten Schritt. Der Erhaltungszustand von Vorkommen wurde im Rahmen einer einmaligen Begutachtung bewertet. Bei demnach scheinbar geeigneten Vorkommen fand eine zweite Begehung und bei Kandidaten-Vorkommen für GenEG eine dritte Eignungsbewertung statt. Dabei wurden für einige Vorkommen deutlich Schwankungen des Erhaltungszustands festgestellt und über die Jahre unterschiedliche Habitat-Einflüsse wahrgenommen (z. B. Bauaktivitäten, Dürren, Überflutungsereignisse). Dementsprechend ist eine mehrmalige Kartierung eines Vorkommens durchaus sinnvoll, insbesondere dann, wenn das Vorwissen von Kartierern zu dem Standort gering ist.

Insgesamt wurden durch die Präsenzkontrollen weniger Vorkommen bestätigt als vermutet. Das betrifft besonders *H. inundatum*. Aus diesem Grund sollten die Bestände deutschlandweit regelmäßig kontrolliert werden. Die Beobachtungen während der anhaltende Dürre im Jahr 2018 und teils auch im Jahr 2019 lassen auf eine Beeinträchtigung des Erhaltungszustands der Arten durch die anhaltende Trockenheit schließen. Weitere Untersuchungen sind erforderlich, um Folgen genauer zu bestimmen. Derzeit kann davon ausgegangen werden, dass zumindest einige Jahre ohne Reproduktionserfolg durch die lokale Bodensamenbank überbrückt werden können. So gelang es, Vorkommen von *H. repens* und *H. inundatum* nach deren Erlöschen durch Abschieben des Oberbodens noch nach mehreren Jahren wiederzubeleben (pers. Mitt. U. Raabe, 2019). Inwieweit ein solcher Prozess mit einer Reduktion der genetischen Differenzierung einer Population verbunden ist, bleibt zu prüfen. Neben extremen Witterungsbedingungen, die beim Wandel des Klimas zunehmen werden, und deren Folgen (z. B. Hochwasserereignisse, Absinken des Grundwasserspiegels) können auch andere Faktoren (z. B. Veränderungen in der Nutzung einer Fläche) die Vorkommen beeinflussen. Es kann sich nicht nur der Erhaltungszustand des Zielvorkommens verändern, sondern auch der Wuchsort verlagern. Bis zu einem gewissen Maß können Veränderungen der Wuchsfläche durch die Ausweisung einer Migrations- und Übergangsfläche berücksichtigt werden. Dort sind dann ggf. die Maßnahmen und Nutzungsweisen anzupassen. Eine Wanderung des Vorkommens über die Grenzen des GenEG hinaus würde jedoch eine aufwändige Neulokalisierung des GenEG erfordern.

Aufwändig kann auch die Bestimmung der Ausbreitungsdistanz eines Vorkommens sein, die erforderlich ist, um die Außengrenze eines GenEG entsprechend dem Modell (siehe Abschnitt 2) zu bestimmen. Sie ist von der Bestäubungsbiologie und den Mechanismen der Samenverbreitung sowie den örtlichen Gegebenheiten (z. B. Stand- oder Umtriebsbeweidung, stehende Gewässer oder Fließgewässer) abhängig. Zwar wurden Beobachtungen und Einschätzungen dahingehend durch die Auftragnehmer für die Planung von GenEG bereitgestellt; für fundierte Angaben wären dafür aber weitergehende standortbezogene Untersuchungen erforderlich.

Bei der Entnahme von Blattmaterial von Vorkommen mit kleiner Wuchsfläche mussten die Proben mitunter von sich nah beieinander befindenden Exemplaren entnommen werden. Handelte es sich um die *Helosciadium*-Arten, die Ausläufer bilden und auch als dichtes Geflecht wachsen, war dabei nicht auszuschließen, dass vor Ort Klone oder unterschiedliche Pflanzenabschnitte eines Individuums mehrfach beprobt wurden. Aus diesem Grund kann die genetische Variabilität von kleinen

Vorkommen der *Helosciadium*-Arten durchaus höher sein, als das Ergebnis der genetischen Analysen anzeigt. Die Verwendung von Mikrosatelliten ist grundsätzlich eine geeignete Analysemethode. Bei zierlichen Pflanzenarten, wie *H. repens* und *H. inundatum*, ist die Entnahme der für die Methode erforderlichen Mengen von 0,5 bis 1 g frischem Blattmaterial je Exemplar jedoch oft nur knapp erreicht worden. Für populationsgenetische Datenanalysen wurden von Manel et al. (2003) und Excoffier und Heckel (2006) öffentlich zugängliche Softwareprodukte charakterisiert und bewertet. Welche der Verfahren angewendet werden können, hängt davon ab, ob bestimmte Grundannahmen erfüllt sind und in welchem Ausmaß Abweichungen von diesen Voraussetzungen toleriert werden können. Das Ergebnis der genetischen Analysen ist stets eine räumlich und zeitlich begrenzte Momentaufnahme einer Art und ist daher nur als eines von mehreren Kriterien für die Auswahl von Vorkommen für die Einrichtung von GenEG zu betrachten. Daher wurde zunächst das Vorkommen mit dem kleinsten bzw. größten $\Delta_{SD(j)}$ ausgewählt. Danach wurde für jeden Naturraum der 3. Ordnung (Meynen et al., 1962) jeweils ein Vorkommen ausgewählt, wenn es auch andere Kriterien hinreichend erfüllte, um möglichst viel adaptive genetische Variation zu erfassen. Wie die Ergebnisse genetischer Analysen zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen bewertet werden, hängt u. a. von der Zielsetzung ab (Gregorius et al., 2005). Eine starke genetische Differenzierung kann sowohl positiv also auch negativ interpretiert werden. Im GE-Sell-Projekt wird eine starke durchschnittliche genetische Differenzierung gemessen mit Δ_{SD} als positiv bewertet, weil angenommen wird, dass genetisch distinkte Populationen Anpassungen an lokale Habitatbedingungen aufweisen und insbesondere mit deren Auswahl die genetische Diversität der betreffenden Art effektiv und effizient erhalten werden kann (Frese und Bönisch, 2020). Im Gegensatz dazu bewerteten z. B. Frei et al. (2014) eine schwache genetische Differenzierung gemessen mit dem Fixierungsindex zwischen Populationen der Kreuzkröte als positiv und interpretieren den Befund als ein Indiz für ungehinderten Genfluss zwischen Populationen innerhalb eines intakten Habitats. Festzustellen ist, dass die im Projekt verwendeten SSR-Marker geeignet sind, um Vorkommen der vier Wildsellerie-Arten zu unterscheiden. Leider fehlt ein Testverfahren zur Beurteilung der statistischen Signifikanz dieser Unterschiede und damit ein Bewertungskriterium für die Auswahl jener zehn bis zwölf Vorkommen, die benötigt werden, um die genetische Diversität des Untersuchungsmaterials bestmöglich zu repräsentieren.

Die im Rahmen des MuD-Vorhabens erarbeiteten Rahmenbedingungen für die Einrichtung von GenEG haben Vor- und Nachteile: Der Vorteil der unverbindlichen Erklärungen ist, dass die Hürde zum Unterzeichnen einer Erklärung niedrig gehalten ist. Nach der aktuellen Regelung gehen die lokalen Akteure keine rechtliche Verpflichtung ein und das Einverständnis zum Betreten einer Fläche, Besammeln der Population und Abgabe von Saatgut sowie die Erklärung, die Erhaltung der Art unterstützen zu wollen, können jederzeit fristlos widerrufen werden. Auch sind die Formulierungen, die die Unterstützung bei der Erhaltung des Vorkommens beschreiben, so unspezifisch, dass sich die Akteure nicht festzulegen müssen. Sicherlich ist das ein wichtiger Grund, warum die Einrichtung erster GenEG und die Initiierung des Netzwerks Wildsellerie bis zum Projektende möglich war. Der Nachteil der unverbindlichen Erklärungen ist die Abhängigkeit vom freiwilligem Einverständnis und Engagement lokaler Akteure, insbesondere unter Berücksichtigung des mit der Einrichtung eines GenEG verbundenen Aufwands. Ein lokaler Partner kann sich jederzeit dazu entscheiden, aus dem Kooperationsverbund zu einem GenEG auszutreten. Je nach Bedeutung des Akteurs und Zusammensetzung des Kooperationsverbundes kann das auch die Verkleinerung der Fläche eines GenEG oder die Aufhebung des gesamten GenEG bedeuten. Ein weiterer Nachteil könnte sein, dass die Unterstützungsart nicht konkret festgelegt wird, sofern dass der Akteur nicht selbst möchte.

Dadurch ist die Verteilung der Aufgaben zur Erhaltung des Vorkommens nicht geklärt. Ob und wie die Akteure die Erhaltung der Wildsellerie-Vorkommen tatsächlich langfristig unterstützen und ob das im Rahmen der Möglichkeiten durch den Akteur aufgebrachte Engagement ausreicht, um die Vorkommen langfristig zu erhalten, werden die künftigen Monitorings zeigen. Im Rahmen eines genetischen Monitorings sollte festgestellt werden, ob die ökologischen Rahmenbedingungen geeignet sind, die dynamischen Reproduktions- und Regenerationsprozesse aufrechtzuerhalten. Ist dies nicht der Fall, sollten geeignete Bedingungen zur Erhaltung der genetischen Diversität einer Art hergestellt werden, z. B. mittels integrativen Prozessschutzes (Jedicke, 1998). Reichen die Aktivitäten zur Erhaltung der Vorkommen und innerartlichen Diversität nicht aus, sind insbesondere auch die Rahmenbedingungen für das Management des GenEG zu ändern: Es kann 1) geprüft werden, wie die Akteure bei ihrem Engagement stärker unterstützt werden können oder 2) eine Stärkung der gesetzlichen Grundlage angestrebt werden.

Zu 1): Grundsätzlich ist der Mehrwert bzw. Anreiz für die lokalen Akteure bei den im GE-Sell-Projekt erarbeiteten Rahmenbedingungen noch gering: Die Akteure werden über neue Erkenntnisse zum Vorkommen informiert, bei der Erhaltung im Rahmen der Möglichkeiten durch die Fachstelle Wildsellerie unterstützt und erhalten eine Urkunde in Anerkennung des Engagements zur Erhaltung der Art. Für Akteure, die entsprechenden Unterstützungsbedarf haben, die Öffentlichkeitsarbeit betreiben oder die Urkunde als persönliche Wertschätzung anerkennen, kann dies genügen. Im Allgemeinen wird von Naturschutz-Akteuren die Intention des vom BMEL geförderten Ansatzes zur Erhaltung von Arten zwar positiv bewertet; häufig betonen sie jedoch, dass die Initiative auch mit einer direkten und unbürokratischen Finanzierung der Managementmaßnahmen verbunden sein sollte, die jedoch bisher nicht vorgesehen ist. Aus diesem Grund sollte geprüft werden, mit welchen Mitteln die Akteure bei ihrem Engagement noch besser unterstützt werden können.

Zu 2): Bisher besteht keine Verpflichtung zur Mitwirkung bei der Einrichtung eines GenEG aufgrund fehlender gesetzlicher Grundlagen, so dass die Erhaltung nur durch das freiwillige Engagement stattfinden kann. Auch ohne Rechtsgrundlage bestanden bei einigen Flächeneigentümern und –nutzern bereits Befürchtungen, dass sich aus der Beteiligung am Netzwerk Wildsellerie zukünftig Verpflichtungen ergeben könnten, die sie in der Entscheidungsfreiheit über ihre Ressourcen einschränken. Wird eine Rechtsgrundlage geschaffen, kann das zum einen die Kooperation mit Akteuren, insbesondere Flächenbesitzern und –nutzern, erschweren. Zum anderen könnten öffentliche Institutionen einen Handlungsauftrag erhalten bzw. die rechtliche Grundlage, um bei Akteuren auch unpopuläre Maßnahmen ausführen zu können. Falls die Erhaltung von GenEG auf freiwilliger Basis nicht gelingt und eine rechtliche Verankerung der GenEG in Betracht gezogen wird, sind die Vor- und Nachteile sorgsam abzuwägen.

Neben der Eignungsprüfung und Auswahl von Vorkommen ist die Kommunikation mit den lokalen Akteuren ein wichtiger Baustein zur Einrichtung der GenEG. Das GE-Sell-Projekt zeigte, dass der damit verbundene Aufwand nicht zu unterschätzen ist und mit zunehmender Anzahl potentieller Akteure steigt. Zwar ist ein großflächiges GenEG entsprechend dem Modell (siehe Abschnitt 2) für die effektive Erhaltung eines Vorkommens anzustreben, jedoch kann es sich dadurch über viele Flurstücke erstrecken. Unter Umständen sind dann die Abstimmung und das Einverständnis einer Vielzahl von Akteuren erforderlich. In einem solchen Fall ist unter Berücksichtigung der vorhandenen Ressourcen abzuwägen, ob das GenEG (vorerst) auf Flurstücke begrenzt wird, die für die Erhaltung des Vorkommens prioritär sind. Der Kommunikationsaufwand und -erfolg wird nicht nur durch die Anzahl potentieller Akteure bestimmt, sondern auch von den persönlichen Erfahrungen der Akteure

mit dem Artenschutz- und Landwirtschaftssektor. Die Erfahrungen und daraus abgeleitete Einstellung eines Akteurs entscheidet häufig darüber, ob ein GenEG mit wenig oder mit viel Kommunikationsaufwand oder gar nicht eingerichtet wird, vor allem wenn die Ressourcen des Akteurs (z. B. Zeit, Gestaltungskapazität bei der wirtschaftlichen Nutzung einer Fläche) knapp sind.

Bei der Kommunikation mit Akteuren und der Information der Öffentlichkeit ist bei der Weitergabe von Art- und Lageinformationen deren Sensibilität zu berücksichtigen. Insbesondere durch die Weitergabe oder Veröffentlichung von Lageangaben können gefährdete Bestände und seltene und attraktive Arten sowie die Eigentumsrechte von Grundbesitzern beeinträchtigt werden, wenn Wuchsfelder eigenmächtig durch Interessierte betreten werden oder Pflanzenmaterial entnommen wird. Auch die Nutzbarkeit von gefährdeten und seltenen Wildarten ist in der Öffentlichkeit sensibel zu kommunizieren, um nicht die Ernte der Wildarten in ihrer natürlichen Umgebung zu bewirken. Die Besammlung von Pflanzenbestandteilen, wie dem Saatgut, sollte nur in Absprache mit den zuständigen Naturschutzbehörden und koordiniert durch die Fachstelle Wildsellerie erfolgen. Dementsprechend sammeln potentielle Nutzer (z. B. Züchter) Material nicht selbst. Die Abgabe von Saatgut sollte nur unter Berücksichtigung der gültigen Regeln über eine Genbank erfolgen.

Durch das MuD-Vorhaben wurden wesentliche Fragen zum Aufbau eines Netzwerks von GenEG beantwortet. Die Fortführung des Netzwerks Wildsellerie wird zeigen, wie und ob die weitere Zusammenarbeit der Akteure und die Erhaltung der Vorkommen in dieser Weise gelingen und ob und wie das Konzept weiterzuentwickeln ist. Die bisherigen Erfahrungen lassen auf eine positive Entwicklung schließen.

8 Über das Projekt hinaus gewonnene Erkenntnisse

Der Projektpartner Botanischer Garten der Universität Osnabrück untersuchte mittels SSR- und ISSR-Daten, ob die unterschiedlichen Wuchsformen von *H. repens* in Abhängigkeit von aquatischen oder terrestrischen Habitaten in Zusammenhang mit einer genotypischen Anpassung stehen. Nach den Auswertungsergebnissen scheint dies nicht der Fall zu sein. Unterschiede der Wuchsformen sind eher auf phänotypische Plastizität zurückzuführen; darauf deuten auch weitere Untersuchungen zur Reaktion auf Veränderungen in der Wasserverfügbarkeit hin (Herden und Friesen, 2019).

Der Projektpartner Humboldt-Universität zu Berlin untersuchte Möglichkeiten der Inkulturnahme von *H. nodiflorum* im Gewächshaus als neues vermarktungsfähiges Produkt mittels zwei fließender hydroponischer Anbausysteme. Dabei wurde festgestellt, dass in Tochterpflanzen, die im neuartigen NFT-Aeroponik-Hybridssystem mit einer Standard-Nährlösung kultiviert wurden, das *Api g1*-Gen nicht nachweisbar war, dessen korrespondierendes Protein primär für das hohe allergene Potenzial des Kulturselleries ursächlich ist (Beck et al., 2020).

9 Sich anschließende weitere Vorhaben

Die Fachstelle Wildsellerie strebt die Vervollständigung des Netzwerks Wildsellerie bis zum Erreichen von 45 GenEG an und koordiniert das Netzwerk. Darüber hinaus wird sich die Fachstelle an der Weiterentwicklung der Erhaltungstechnik sowie der Erforschung von WEL-Arten beteiligen und Initiativen zur In-situ-Erhaltung von WEL mit ihrer Expertise unterstützen. In diesem Rahmen ist beispielsweise die Evaluierung der bei den genetischen Analysen verwendeten Methodik vorgesehen.

Durch die Erfahrungen des GE-Sell-Projekts wurde eine Basis für den Aufbau des „Netzwerk Genetischer Erhaltungsgebiete Deutschland“ geschaffen. Durch die Berichte über das Vorhaben auf Fachveranstaltungen und durch Publikationen wurde die Erhaltungstechnik des GenEG Akteuren aus unterschiedlichen Bereichen vorgestellt. Dies ist eine wichtige Grundlage für die Verstetigung bzw. Fortführung und Weiterentwicklung der Erhaltung von WEL. Das Projekt wurde vom Koordinator und von Partnern des EU-Projektes „Farmer’s Pride“ als wichtiger Beitrag zum Aufbau eines europäischen Netzwerks von GenEG wahrgenommen.

Das MuD-Vorhaben zeigte, dass die Einrichtung von GenEG mit dem Genpool-Ansatz möglich, jedoch im Verhältnis zur Anzahl berücksichtigter Arten aufwändig, ist. Aus diesem Grund sollte untersucht werden, wie die Verbesserung der Erhaltung von WEL effizienter erfolgen kann. Ein weiteres Problem ist die ungeklärte Finanzierung von Erhaltungsmaßnahmen. Fragen zur Effizienzsteigerung und Finanzierung sollen im Rahmen des vom BMEL geförderten MuD-Vorhabens „In-situ-Erhaltung von Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft mittels Schirmarten“ (IsWEL) geklärt werden. Das Vorhaben baut auf den Erkenntnissen und erarbeiteten Strukturen des GE-Sell-Vorhabens auf.

Arbeiten an der Humboldt-Universität zu Berlin nutzen Wildsellerie-Arten als genetische Ressource, wobei die züchterischen Bemühungen darauf abzielen, interspezifische bzw. intergenerische Hybriden zu schaffen, denen das *Apig1*-Gen fehlt. Diese Hybriden könnten auch einzigartig veränderte Sekundärmetabolitenprofile aufweisen, was als kulinarische Neuheit interessant sein könnte. Zusätzlich ist auch eine Verbesserung des Wildselleries selbst erwünscht, bei der ertragreiche und schädlingsresistente Herkünfte identifiziert, selektiert und beschrieben werden können. Diese sollten dann auch auf ihre Eignung für verschiedene Produktionsschemata geprüft werden.

10 Ausblick

Es ist zu erwarten, dass durch die Tätigkeit der Fachstelle Wildsellerie und dass sich anschließende MuD-Vorhaben IsWEL neue Erkenntnisse zur GenEG-Erhaltungstechnik gewonnen werden, auf deren Basis die Technik weiterentwickelt werden kann. Dadurch könnte die Effizienz und Effektivität bei der Erhaltung von WEL sowie der Mehrwert für die lokalen Akteure gesteigert und Strukturen verstetigt werden. Die Fachstelle Wildsellerie wird den Aufbau eines europäischen Netzwerks von GenEG für Wildsellerie-Arten unterstützen, so dass weitere mit dem Kultursellerie verwandte Arten entsprechend dem Genpool-Ansatz erhalten werden.

11 Zusammenfassung

Im MuD-Vorhaben wurden wissenschaftliche und organisatorische Fragestellungen zur Umsetzung der GenEG-Erhaltungstechnik bearbeitet. Bei dem Verfahren zur In-situ-Erhaltung von WEL wird die dynamische Erhaltung von Populationen, die in ihren natürlichen Lebensräumen Evolutionsprozessen ausgesetzt sind, mit der statischen Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in Genbanken kombiniert und somit die nachhaltige Nutzung dieser Arten ermöglicht. Zur Identifizierung von GenEG wurden, entsprechend dem Genpool-Ansatz, für die vier in Deutschland vorkommenden Wildsellerie-Arten aus 2400 Fundortdaten rund 350 Vorkommen für Präsenzkontrollen und Begutachtungen ausgewählt. Im Anschluss wurden aus den bestätigten Vorkommen rund 100 ausgewählt, die einen möglichst guten Erhaltungszustand aufwiesen und sich über verschiedene Naturräume und Biotoptypen Deutschlands verteilen. Für diese Vorkommen wurde die Eignung als

GenEG eingehender geprüft. Insbesondere wurden genetische Diversitätsanalysen durchgeführt. Anhand der Kartierungs- und Analyseergebnisse wurden zwischen 11 und 15 Vorkommen je Art (insgesamt 55) ausgewählt, die insgesamt die innerartliche Vielfalt der jeweiligen Art bestmöglich repräsentieren. Für diese Vorkommen wurden die Einrichtung und ein langfristiges Management der GenEG in Zusammenarbeit mit lokalen Akteuren angestrebt. Dazu musste zunächst der Prozess zur Einrichtung von GenEG geklärt werden. Bis zum Projektende wurden bereits 13 GenEG und bis zum Juni 2020 zwei weitere GenEG auf Basis freiwilliger Erklärungen von lokaler Akteuren eingerichtet. Für 27 weitere Vorkommen gibt es bereits konkrete Planungen zur Lage und zum Management der GenEG. Zu insgesamt 37 Vorkommen wurden bereits Dauerbeobachtungsflächen für ein demographisches Monitoring eingerichtet und von 29 Vorkommen Saatgut zur Ex-situ-Erhaltung gesammelt. Durch die am Julius Kühn-Institut in Folge des Vorhabens angesiedelte Fachstelle Wildsellerie wird die Einrichtung von GenEG fortgesetzt, um ein bundesweite Netzwerk Wildsellerie aus 45 GenEG und deren lokalen Akteure aufzubauen.

12 Literaturverzeichnis

- Acquadro, A., Magurno, F., Portis, E., Lanteri, S., 2006. dbEST-derived microsatellite markers in celery (*Apium graveolens* L. var. *dulce*). *Molecular Ecology Notes* 6, 1080–1082. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01440.x>
- Annikster, Y., Noy-Meir, I., 1991. The wild-wheat field laboratory at Ammiad. *Israel Journal of Botany* 40, 351–362
- Anonymus, 2008. Rote Liste der Farn- und Blütenpflanzen des Saarland, in: Rote Liste gefährdeter Pflanzen und Tiere des Saarlandes. 109–115.
- Barbour, J.D., 1999. Vegetable Crops: Search for Arthropod Resistance in Genetic Resource, in: *Global Plant Genetic Resources for Insect-Resistance Crops*. CRC Press LLC, 171–189.
- Batisse, M., 1986. Developing and focusing the biosphere reserve concept. *Nature and Resources* 22, 1–10
- Beck, W., Feierabend, K., Kremppler, S., Walker, C., Ulrichs, C., Dannehl, D., Mewis, I., 2020. Sedanina - Allergenfreier Röhrensellerie, in: Bönisch, M., Bernhardt, N. (Hrsg.), Tagungsband einer Fachveranstaltung - Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul des Artenschutzes, Julius-Kühn-Archiv. Quedlinburg, 102–103.
- BfN (Hrsg.), 2020. FloraWeb: Daten und Informationen zu Wildpflanzen und zur Vegetation Deutschlands [WWW Dokument]. Flora Web. URL <http://www.floraweb.de/index.html> (aufgerufen am 02.04.2020).
- Bilz, M., IUCN Regional Office for Europe, IUCN Species Survival Commission (Hrsg.), 2011. *European red list of vascular plants*. Publications Office of the European Union, Luxembourg. 130 S.
- BMEL, 2015. Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen.
- Bönisch, M., 2019a. Conserving wild celery species in nature: Germany takes steps to ensure future food security [WWW Dokument]. GenRes Bridge - News. URL <http://www.genresbridge.eu/about-us/news/news/conserving-wild-celery-species-in-nature-germany-takes-steps-to-ensure-future-food-security/> (aufgerufen am 15.06.20).
- Bönisch, M., 2019b. Entwicklung eines bundesweiten Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie (GE-Sell). Vortrag auf der Fachveranstaltung - Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul des Artenschutzes, Julius-Kühn-Archiv. Quedlinburg. URL https://www.genres.de/fileadmin/SITE_MASTER/content/Publikationen/Fachtagung/B%C3%B6nisch_GESellFachveranstaltung_2019.pdf
- Bönisch, M., Bernhardt, N. (Hrsg.), 2020. Tagungsband einer Fachveranstaltung - Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul des Artenschutzes, Julius-Kühn-Archiv. Quedlinburg.
- Bönisch, M., Frese, L., Herden, T., Nachtigall, M., Friesen, N., Zander, M., 2019. Genetische Erhaltungsgebiete: das Bindeglied zwischen Artenschutz, Genbanken und Pflanzenzüchtungsforschung (Wildsellerie als Modellarten). *Botanischer Rundbrief für Mecklenburg-Vorpommern* 56.

- Bönisch, M., Herden, T., Nachtigall, M., Friesen, N., Zander, M., Frese, L., 2016. Genetische Erhaltungsgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten, in: Korn, H., Bockmühl, K., Schliep, R. (Hrsg.), Biodiversität und Klima: Vernetzung der Akteure in Deutschland XII ; Dokumentation der 12. Tagung, BfN-Skripten. Bonn-Bad Godesberg, 60–62.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W., 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32, 314–331.
- Breunig, T., Demuth, S., 1999. Rote Liste der Farn- und Samenpflanzen Baden – Württembergs. 246 S.
- Brück, J., Bönisch, M., Bernhardt, N., 2020. Datenportal des Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie [WWW Dokument]. URL <https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de/> (aufgerufen am 26.05.20).
- Burmeier, S., Jensen, K., 2008. Is the endangered *Apium repens* (Jacq.) Lag. rare because of a narrow regeneration niche? *Plant Species Biology* 23, 111–118. <https://doi.org/10.1111/j.1442-1984.2008.00212.x>
- Casper, S.J., Krausch H.-D., 1981. Süßwasserflora von Mitteleuropa. Band 24. Pteridophyta und Anthophyta. Jena, Fischer. 942 S.
- Constance, L., Chuang, T.-I., Bell, C.R., 1976. Chromosome Numbers in Umbelliferae. V. *American Journal of Botany* 63, 608–625. <https://doi.org/10.1002/j.1537-2197.1976.tb11849.x>
- Dienst, M., 2008. Verwechslung von *Apium repens* mit einer Landform von *Berula erecta*. *Ber. Bot. Arbeitsgem. Südwestdeutschland* 5, 120–122.
- Dietrich, H., 2010. Botanische Notizen Heil- und Nutzpflanzen – Ausgewähltes Informationsmaterial für Botanische Gärten, Teil 22. *Gärtnerisch-Botanischer Brief* 179, 41–51.
- East, E.M., 1940. The distribution of self-sterility in the flowering plants. *Proceedings of the American Philosophical Society* 82, 449–518.
- Ellenberg, H., 1991. Zeigerwerte der Gefäßpflanzen (ohne Rubus), in: Ellenberg, H., Weber, H. E., Düll, R., Wirth, V., Werner, W., Paulissen, D., Zeigerwerte von Pflanzen in Mitteleuropa. *Scripta geobotanica* 18, 9–166.
- Emde, F.A., 2004. Marketing für den Naturschutz. *Berichte der ANL* 27 (2003), 67–74.
- ENSCONET, 2009. ENSCONET Anleitung zum Sammeln von Wildpflanzensamen.
- Excoffier, L., Heckel, G., 2006. Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nat Rev Genet* 7, 745–758. <https://doi.org/10.1038/nrg1904>
- FAO, 2011. Second global plan of action for plant genetic resources for food and agriculture. Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.
- Frank, D., Herdam, H., Jage, H., John, H., Kison, H.-U., Korsch, H., Stolle, J., 2004. Rote Liste der Farn- und Blütenpflanzen (Pteridophyta et Spermatophyta) des Landes Sachsen-Anhalt. *Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt* 39, 91–110.
- Frank, D., Klotz, S., 1990. Biologisch-ökologische Daten zur Flora der DDR. *Wissenschaftliche Beiträge Martin-Luther Univ. Halle-Wittenberg* Vol. 32. 167 S.
- Frei, M., Csencsics, D., Brodbeck, S., Gugerli, F., Bollinger, J., 2014. Landscape-genetic analysis of Natterjack toad (*Epidalea calamita*) populations in the Suhre valley (Switzerland).
- Frese, L., 2019a. Designation of the first five crop wild relative genetic reserves in Germany and Europe. URL <https://www.ecpgr.cgiar.org/working-groups/wild-species-conservation>
- Frese, L., 2019b. Leitfaden und Vorgehensweise bei der Auswahl und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete. Vortrag auf der Fachveranstaltung - Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul des Artenschutzes, Julius-Kühn-Archiv. Quedlinburg. https://www.genres.de/fileadmin/SITE_MASTER/content/Publikationen/Fachtagung/Frese-et-al-GESellFachveranstaltung-2019.pdf
- Frese, L., Bönisch, M., 2020. Leitfaden zur Auswahl und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete, in: Bönisch, M., Bernhardt, N. (Hrsg.), Tagungsband einer Fachveranstaltung - Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul des Artenschutzes, Julius-Kühn-Archiv. Quedlinburg, 38–57.
- Frese, L., Bönisch, M., Herden, T., Zander, M., Friesen, N., 2018a. In-situ-Erhaltung von Wildselleriearten. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 50, 155–163.
- Frese, L., Bönisch, M., Nachtigall, M., Schirmak, U., 2018b. Patterns of Genetic Diversity and Implications for In Situ Conservation of Wild Celery (*Apium graveolens* L. ssp. *graveolens*). *Agriculture* 8, 129. <https://doi.org/10.3390/agriculture8090129>

- Frese, L., Bönisch, M., Nachtigall, M., Zander, M., Herden, T., Friesen, N., 2019. Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten. Vorgestellt auf dem Sachsen-Anhalt-Tag, Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190710-113409>
- Frese, L., Bönisch, M., Vögel, R., 2017a. Entwicklung einer Strategie für die In-situ-Erhaltung wildlebender Verwandter von Kulturpflanzen (WVK). *Journal für Kulturpflanzen* 69, 339–350. <https://doi.org/10.5073/JFK.2017.10.02>
- Frese, L., Kell, S., Bönisch, M., 2017b. Wildpflanzenarten: eine unverzichtbare Ressource der Pflanzenzüchtung, in: Korn, H., Dünfelder, H. (Hrsg.), *Biodiversität und Klima: Vernetzung der Akteure in Deutschland XIII; Dokumentation der 13. Tagung*, BfN-Skripten. Bonn-Bad Godesberg, 54–55.
- Fu, N., Wang, P.-Y., Liu, X.-D., Shen, H., 2014. Use of EST-SSR Markers for Evaluating Genetic Diversity and Fingerprinting Celery (*Apium graveolens* L.) Cultivars. *Molecules* 19, 1939–1955. <https://doi.org/10.3390/molecules19021939>
- Fu, N., Wang, Q., Shen, H.-L., 2013. De Novo Assembly, Gene Annotation and Marker Development Using Illumina Paired-End Transcriptome Sequences in Celery (*Apium graveolens* L.). *PLoS ONE* 8, e57686. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057686>
- Garve, E., 2004. Rote Liste und Florenliste der Farn- und Blütenpflanzen in Niedersachsen und Bremen. *Informationsdienst Naturschutz Niedersachsen* 24, 76 S.
- GBIF Secretariat, 2018. Free and open access to biodiversity data. URL <http://www.gbif.org> (aufgerufen am 26.04.2020)
- Geier, S., Schmidt-Thrö, S., Storch, L., Henkel, J., 2019. Forschungsschiff Polarstern auf Expedition, Wilder Sellerie hilft Nutzpflanze, Abwrackprämie für Ölheizungen, Erfolgreich dank Neuroathletik. *IQ-Magazin*.
- Gillet, E.M., 2013. DifferInt: compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* 13, 953–964. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12145>
- Gillet, E.M., Gregorius, H.-R., 2008. Measuring differentiation among populations at different levels of genetic integration. *BMC Genet* 9, 60. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-9-60>
- Gregorius, H.-R., Gillet, E.M., Ziehe, M., 2003. Measuring Differences of Trait Distributions Between Populations. *Biometrical Journal* 45, 959–973. <https://doi.org/10.1002/bimj.200390063>
- Gregorius, H.-R., Harlizius, B., Engels, J., 2005. Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirats für Biodiversität und genetische Ressourcen beim BMVEL, in: *Zentrale für Agrardokumentation und -information, Informationszentrum für Biologische Vielfalt* (Hrsg.), *Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen*, Schriften zu Genetischen Ressourcen. Bonn, XI–XVII.
- Gregorius, H.-R., Kissling-Näf, I., Ott, K., 2007. Biodiversität als Lebensgrundlage - Grundprinzipien zu Schutz und Natur, in: *Potthast, T., Bundesamt für Naturschutz* (Hrsg.), *Biodiversität - Schlüsselbegriff des Naturschutzes im 21. Jahrhundert?*, *Naturschutz und Biologische Vielfalt*. 185–222.
- GRIN-Taxonomy, 2020: USDA, Agricultural Research Service, National Plant Germplasm System. Germplasm Resources Information Network (GRIN-Taxonomy). National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. URL <https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/taxonomydetail.aspx?464221>. (aufgerufen am 02. 07.20).
- Hacker, F., Voigtländer, U., Russow, B., 2003. Artensteckbrief *Apium repens* (Jacquin) Lagasca. Landesamt für Umwelt, Naturschutz und Geologie Mecklenburg-Vorpommern, Arten der Anhänge II und IV der FFH-Richtlinie.
- Hacker, F., Voigtländer, U., Russow, B., Abdank, A., 2010. *Apium repens*, in: Landesamt für Umwelt, Naturschutz und Geologie Mecklenburg-Vorpommern (Hrsg.), *Steckbriefe der in M-V vorkommenden Arten der Anhänge II und IV der FFH-Richtlinie*. URL http://www.lung.mv-regierung.de/insite/cms/umwelt/natur/artenschutz/ffh_arten.htm. (aufgerufen am 15.12.2011).
- Haeupler, H., Schönfelder, P., 1989. *Atlas der Farn- und Blütenpflanzen der Bundesrepublik Deutschland*. Stuttgart, Ulmer. 768 S.
- Harlan, J.R., de Wet, J.M.J., 1971. Toward a Rational Classification of Cultivated Plants. *TAXON* 20, 509–517. <https://doi.org/10.2307/1218252>
- Hawkes, J.G., Maxted, N., Zohary, D., 1997. Reserve design, in: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V., Hawkes, J.G. (Hrsg.), *Plant Genetic Conservation: The in situ approach*. Springer Netherlands, Dordrecht, 132–143. https://doi.org/10.1007/978-94-009-1437-7_8
- Herbst, D., 1997. *Public Relations - Das professionelle 1x1*. 1. Aufl. Berlin, Cornelsen Verlag. 176 S.
- Herden, T., Bönisch, M., Friesen, N., 2020. Genetic diversity of *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J. Koch (Apiaceae) in Germany, a Crop Wild Relative of celery. *Ecology and Evolution* 10, 875–890. <https://doi.org/10.1002/ece3.5947>

- Herden, T., Bönisch, M., Friesen, N., 2019. Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J. Koch. Vorgestellt auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“, Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-131858>
- Herden, T., Friesen, N., 2019. Ecotypes or phenotypic plasticity—The aquatic and terrestrial forms of *Helosciadium repens* (Apiaceae). *Ecol Evol* 9, 13954–13965. <https://doi.org/10.1002/ece3.5833>
- Holsinger, K.E., Weir, B.S., 2009. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST. *Nat Rev Genet* 10, 639–650. <https://doi.org/10.1038/nrg2611>
- Hultén, E., Fries, M., 1986. Atlas of North European vascular plants –north of the tropic of cancer II. 1. Aufl. Königstein, Koeltz Scientific Book. XVI+1172 S.
- Iriondo, J.M., 2012. CWR umbrella conservation approach. Working document prepared by AEGRO partner 9. URL http://aegro.jki.bund.de/aegro/uploads/tx_neofileshare/2012-05-03_13-41-12_A9_2_Fourth_Report_Umbrella_conservation.pdf
- Iriondo, J.M., Maxted, N., Kell, S.P., Ford-Lloyd, B.V., Lara-Romero, C., Labokas, J., Brehm, J.M., 2012. Quality standards for genetic reserve conservation of crop wild relatives., in: Maxted, N., Dulloo, M. E., Ford-Lloyd, B.V., Frese, L., Iriondo, J.M., Pinheiro de Carvalho, M.A.A. (Hrsg.), *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CABI, Wallingford, 72–77. <https://doi.org/10.1079/9781845938512.0072>
- Jäger, E. J., Werner, K. (Hrsg.), 2005. Exkursionsflora von Deutschland. Band 4. Gefäßpflanzen. Kritischer Band. 10. Aufl. Jena, Gustav Fischer Verlag. 980 S.
- Jäger, E.J., Wesche, K., Ritz, C.M., Müller, F., Welk, E. (Hrsg.), 2013. Rothmaler - Exkursionsflora von Deutschland. Gefäßpflanzen. Atlasband. 12. Aufl. 791 S.
- Jäger, E.J. (Hrsg.), 2016. Rothmaler - Exkursionsflora von Deutschland Gefäßpflanzen. Grundband. 21. Aufl., Spektrum Akademischer Verlag. 924 S.
- Jahn, T., Pannach, H., Hoffmann, M.H. 2009. *Apium graveolens* L. – Sellerie. [WWW Dokument]. URL http://www2.biologie.uni-halle.de/bot/boga/ex_situ/apium_graveolens.html (aufgerufen am 12.05.2020)
- Jain, S. K., 1975. Genetic reserves, in: Frankel, O. H., J. G. Hawkes (Hrsg.), *Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow*. International Biological Programme 2. Cambridge University Press, 379–396.
- Jedicke, E., 1998. Raum-Zeit-Dynamik in Ökosystemen und Landschaften, in: *Naturschutz und Landschaftsplanung* 8, 233
- Jensen, K., Schwerdtfeger, J., Burmeier, S., ohne Jahr. EU-Life Project BALTCOAST: Conservation guidelines for *Apium repens*. URL https://www.life-baltcoast.de/fileadmin/user_upload/Conservation_guideline_Apium_repens-05_04_11.pdf
- Jombart, T., 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24, 1403–1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>
- Jombart, T., Devillard, S., Balloux, F., 2010. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genet* 11, 94. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-94>
- Kaplan, D., 2008. A designated nature reserve for in situ conservation of wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides* (Körn.) Aaronsohn) in northern Israel., in: Maxted, N., Ford-Lloyd, B. V., Kell, S. P., Iriondo J. M., Dulloo, M. E., Turok, J. (Hrsg.), *Crop Wild Relative Conservation and Use*. CABI, Wallingford, 389–393.
- Kell, S.P., Maxted, N., Frese, L., Iriondo, J.M., 2012. In situ conservation of crop wild relatives: a strategy for identifying priority genetic reserve sites, in: Maxted, N., Dulloo, M. E., Ford-Lloyd, B.V., Frese, L., Iriondo, J.M., Pinheiro de Carvalho, M.A.A. (Hrsg.), *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CABI, Wallingford, 7–19. <https://doi.org/10.1079/9781845938512.0007>
- Korneck, D., Schnittler, M. Klingenstein, F., Ludwig, G. Takla, M. Bohn, U., May, R., 1998. Warum verarmt unsere Flora? Auswertung der Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands. *Schriftenreihe für Vegetationskunde* 29. 299–358.
- Krumbiegel, A., Klein, S., Bönisch, M., Frese, L., 2015. Aktuelle Bestandssituation von *Apium graveolens*, *Helosciadium inundatum* und *H. repens* an ausgewählten Fundorten in Sachsen-Anhalt und Thüringen. *Mitteilungen zur floristischen Kartierung in Sachsen-Anhalt* 20, 55–61.
- Ludwig, G., May, R., Otto, C., 2007. Verantwortlichkeit Deutschlands für die weltweite Erhaltung der Farn- und Blütenpflanzen – vorläufige Liste – (Nr. 220), BfN-Skripten.

- Manel, S., Schwartz, M.K., Luikart, G., Taberlet, P., 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology & Evolution* 18, 189–197. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00008-9](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00008-9)
- Maxted, N., Avagyan, A., Frese, L., Iriondo, J., Brehm, J.M., Singer, A., Kell, S., 2015. ECPGR Concept for in situ conservation of crop wild relatives in Europe. 28 S.
- Maxted, N., Avagyan, A., Frese, L., Iriondo, J., Brehm, J.M., Singer, A., Kell, S., 2013. Preserving diversity: a concept for in situ conservation of crop wild relatives in Europe. 21 S.
- Maxted, N., Dulloo, M.E., Ford-Lloyd, B., Frese, L., Iriondo, J., Pinheiro de Carvalho, M.A.A. (Hrsg.), 2012. *Agrobiodiversity Conservation - Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK ; Cambridge, MA. 365 S.
- Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V., Hawkes, J.G., 1997. *Plant Genetic Conservation: The in situ approach*. Springer Netherlands. 4464 S. <https://doi.org/10.1007/978-94-009-1437-7>
- Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V., Hawkes, J.G., 1997a. Complementary conservation strategies, in: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V., Hawkes, J.G. (Hrsg.), *Plant Genetic Conservation: The in Situ Approach*. Springer Netherlands, Dordrecht, 15–39. https://doi.org/10.1007/978-94-009-1437-7_2
- Maxted, N., Hawkes, J.G., Ford-Lloyd, B.V., Williams, J.T., 1997b. A practical model for in situ genetic conservation, in: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V., Hawkes, J.G. (Hrsg.), *Plant Genetic Conservation: The in Situ Approach*. Springer Netherlands, Dordrecht, 339–367. https://doi.org/10.1007/978-94-009-1437-7_22
- Maxted, N., Kell, S., 2009. Establishment of a Global Network for the In Situ Conservation of Crop Wild Relatives: Status and Needs (thematic background study No. 39), Background Study. Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture.
- Maxted, N., Kell, S., Brehm, J.M., 2011. Options to Promote Food Security: On-Farm Management and In Situ Conservation of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. 31 S.
- Melchinger, A. E., Lübberstedt, T., 2003. Abschlussbericht zum GFP-Forschungsvorhaben ghg 1/98 (97 HS 044). Sortendifferenzierung und Verwandtschaftsuntersuchungen bei Feldsalat (*Valerianella locusta* L.), Radies (*Raphanus sativus* L.) und Knollensellerie (*Apium graveolens* L.) mit Hilfe PCR-gestützter genetischer Marker. Universität Hohenheim, Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik, Lehrstuhl Angewandte Genetik und Pflanzenzüchtung.
- Metge, K., Frese, L., Willems, A., 2016. Das ABC des Nagoya-Protokolls in Deutschland - Zugang zu genetischen Ressourcen und Vorteilsausgleich. *Journal für Kulturpflanzen* 68(4) 2016, 85–101. <https://doi.org/10.5073/JFK.2016.04.01>
- Metzing, D., Garve, E., Matzke-Hajek, G., Adler, J., Bleeker, W., Breunig, T., Caspari, S., Dunkel, F.G., Fritsch, R., Gottschlich, G., Gregor, T., Hand, R., Hauck, M., Korsch, H., Meierott, L., Meyer, N., Renker, C., Romahn, K., Schulz, D., Täuber, T., Uhlemann, I., Welk, E., van de Weyer, K., Wörz, A., Zahlheimer, W., Zehm, A., Zimmermann, F., 2018. Rote Liste gefährdeter Tiere, Pflanzen und Pilze Deutschlands, 1. Aufl., Naturschutz und Biologische Vielfalt. Landwirtschaftsverlag, Bonn - Bad Godesberg. 784 S.
- Mewis, I., Naumann, A., Zander, M., Frese, L., Bönisch, M., Ulrichs, C., 2019. Genetic diversity of *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. Koch occurrences in Germany. Vorgestellt auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“, Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-132404>
- Meynen, E., Schmithüsen, J., Gellert, J., Neef, E., Müller-Miny, H., Schultze, H.J. (Hrsg.), 1962. *Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands*. Verl. der Bundesanstalt für Landeskunde Remagen. 120 S.
- Mierwald, U., Romahn, K., 2006. Die Farn- und Blütenpflanzen Schleswig-Holsteins, 4. Fassung-Datenstand Dezember 2005. Die Farn- und Blütenpflanzen Schleswig-Holsteins. Flintbek. 122 S.
- Muer, T., Sauerbier, H., Cabrera, C. F., 2016. Die Farn- und Blütenpflanzen der Kanarischen Inseln. Weikersheim, Margraf Publisher. 1310 S.
- Nachtigall, M., Bönisch, M., Schirmak, U., Bülow, L., Frese, L., 2019a. Genetische Erhaltungsgebiete für *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*. Vorgestellt auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“, Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-125726>
- Nachtigall, M., Frese, L., Bönisch, M., 2018. Microsatellite marker data of *Apium graveolens* L. ssp. *graveolens*. <https://doi.org/10.5073/20180820-154547>
- Nachtigall, M., Schirmak, U., Bönisch, M., Bülow, L., Frese, L., 2019b. Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium inundatum*. Vorgestellt auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“, Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-130359>

- NetPhyD, 2014. Florkart-Karten [WWW Dokument]. URL <https://karten.deutschlandflora.de/map.phtml> (aufgerufen am 03.04.2014).
- Oberdorfer, E., 1983. Pflanzensoziologische Exkursionsflora. Ulmer, Stuttgart. 1051 S.
- Oberdorfer, E., 2001. Pflanzensoziologische Exkursionsflora für Deutschland und angrenzende Gebiete. 8. Aufl. Eugen Ulmer, Stuttgart, Hohenheim. 708 S.
- Pade, W., Rühlemann, D., 2016. Weltkräuterküche. 33 exotische Kräuter in Garten und Küche. Cadmos Verlag/AV-Buch, München, Wien. 160 S.
- Pepels, W., 2005. Marketing-Kommunikation. Werbung, Marken, Medien. Rinteln, Merkur Verlag. 400 S.
- Pink, D.A., Walkey, D.G., Stanley, A.R., Carter, P.J., Smith, B.M., Mee, C., Bolland, C.J., 1983. Genetics of disease resistance. Warwick, UK. National Vegetable Research Station.
- Poppendieck, H.-H., Bertram, H., Brandt, I., Kreft, K.-A., Kurz, H., Onnasch, A., Preisinger, H., Ringenberg, J., Prondzinki, J. von, Wiedemann, D., 2010. Rote Liste und Florenliste der Gefäßpflanzen von Hamburg, 3. Aufl., Dölling und Galitz Verlag GmbH, Hamburg. 54 S.
- PricewaterHouseCooper, 2013. Crop wild relatives - A valuable resource for crop development. URL www.pwc.co.uk/valuations
- Quiros, C.F., 1993. Celery - *Apium graveolens* L., in: Kalloo, G., Bergh, B.O. (Hrsg.), Genetic Improvement of Vegetable Crops. Pergamon Press Ltd, 523–534.
- Raabe, U., Büscher, D., Fasel, P., Foerster, E., Götte, R., Haeupler, H., Jagel, A., Kaplan, K., Keil, P., Kulbrock, P., Loos, G.H., Neikes, N., Schumacher, W., Sumser, H., Vanberg, C., 2010. Rote Liste und Artenverzeichnis der Farn- und Blütenpflanzen - Pteridophyta et Spermatophyta - in Nordrhein-Westfalen
- Ringel, H., 2017. Wilder Sellerie in Mecklenburg-Vorpommern. Botanischer Rundbrief für Mecklenburg-Vorpommern 16–25.
- Ristow, M., Herrmann, A., Illig, H., Kläge, H.-C., Klemm, G., Kummer, V., Machatzi, B., Rätzel, S., Schwarz, R., Zimmermann, F., 2006. Rote Liste der etablierten Gefäßpflanzen Brandenburgs (und Berlins). Naturschutz und Landschaftspflege in Brandenburg 15, 70–80.
- Ronse, A.C., Popper, Z.A., Preston, J.C., Watson, M.F., 2010. Taxonomic revision of European *Apium* L. s.l.: *Helosciadium* W.D.J.Koch restored. Plant Syst Evol 287, 1–17.
- Röter-Flechtner, C., 2015. Rote Listen von Rheinland-Pfalz - Gesamtverzeichnis, 3. Aufl.
- Schayan, J., Festerling, A., Orth, M., Sibum, H., 2020. Geografie und Klima [WWW Dokument]. Tatsachen über Deutschland. URL <https://www.tatsachen-ueber-deutschland.de/de/deutschland-auf-einen-blick/geografie-und-klima> (aufgerufen am 26.06.20).
- Schoenfelder, P., Schoenfelder, I., 2012. Die Kosmos-Kanarenflora. 3. Aufl. Stuttgart, Kosmos Verlag. 319 S.
- Schossau, C., 2000. Untersuchungen zur Autökologie und standörtlichen Einnischung von *Apium repens* (Jacq.) Lag. in Oberbayern. - Unveröff. Diplomarbeit Universität Marburg, 106 S.
- Schulz, D., 2013. Rote Liste und Artenliste Sachsens - Farn- und Samenpflanzen. 308 S.
- Sommerfeld, M., 2013. *Apium graveolens* (Echter Sellerie) [WWW Dokument]. KIT - Botanischer Garten. URL <http://www.botanik.kit.edu/garten/140.php> (aufgerufen am 26.03.20).
- Starke-Ottich, I., Gregor, T., 2019. Rote Liste der Farn- und Samenpflanzen Hessens. Wiesbaden. 272 S. STMUV (Hrsg.), 2005. Rote Liste der gefährdeten Tiere und Gefäßpflanzen Bayerns - Kurzfassung. 186 S.
- Thormann, I., 2020. In-situ-Erhaltung verwandter Wildarten unserer Kulturpflanzen im nationalen und internationalen Kontext, in: Bönisch, M., Bernhardt, N. (Hrsg.), Tagungsband einer Fachveranstaltung - Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul des Artenschutzes, Julius-Kühn-Archiv. Quedlinburg, 15–27.
- UFZ (Hrsg.), 2020. BioFlor Recherchesystem [WWW Dokument]. URL <https://www.ufz.de/bioflor/index.jsp> (aufgerufen am 20.05.2020)
- VBG (Hrsg.), 2020. Portal für Erhaltungskulturen einheimischer Wildpflanzen – Ex Situ Erhaltung [WWW Dokument]. URL <http://www.ex-situ-erhaltung.de> (aufgerufen am 05.05.2020)
- Voigtländer, U., Henker, H., 2005. Rote Liste der Farn- und Blütenpflanzen Mecklenburg-Vorpommerns. 60 S.
- Wagner, A., Wagner, I., 2008. Beginnende Bestandskontrolle des Kriechenden Selleries (*Apium repens*) - 2007. Unveröffentl. Bericht
- Weir, B.S., Cockerham, C.C., 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. Evolution 38, 1358–1370. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1984.tb05657.x>
- Welk, E., 2001. Arealkundliche Analyse und Bewertung der Schutzrelevanz seltener und gefährdeter Gefäßpflanzen Deutschlands. Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle. 303 S.
- Wetterauer Zeitung, 2020. Wo der Echte Sellerie wächst [WWW Dokument]. <https://www.wetterauer-zeitung.de>. URL <https://www.wetterauer-zeitung.de/wetterau/nidda-ort1184448/echte-sellerie-waechst-13506668.html> (aufgerufen am 02.07.20).

- Wright, S., 1978. Evolution and the Genetics of Populations, Vol. 4. Variability within and among natural populations. The University of Chicago Press, Chicago, Illinois. 590 S.
- Zachgo, S., Borgmann, P., 2014. Abschlussbericht für das Modell- und Demonstrationsvorhaben im Bereich der biologischen Vielfalt (2808BM008) "Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft". Osnabrück. 201 S.

Anhang I

Daten-Ehebungsbogen zur Präsenzkontrolle und Begutachtung

- Art*: *Apium graveolens* subsp. *graveolens*
 Helosciadium repens
 Helosciadium inundatum
 Helosciadium nodiflorum
- ID des Vorkommens* (*Kürzel Bundesland-Kürzel Standort-Datum-Uhrzeit*)
z. B. NRW-TG-20150714-1044: _____
- Vor- und Nachname des Gutachters*: _____
- Datum der Begutachtung* [JJJJMMTT]: _____

Angaben zur Lage:

- Bundesland*: _____
- Landkreis*: _____
- Gemeinde*: _____
- Naturraum 3. Ordnung¹: _____

- Nähere Ortsangabe (z. B. Name, Entfernung und Himmelsrichtung zur nächsten Gemeinde)*: _____

- Standort bekannt durch (bitte ankreuzen)*:
 - eigene Kenntnis
 - vom JKI zur Verfügung gestellt
 - sonstige Quelle:
 - Literaturangabe/Titel der Datei oder Name der Person, die den Standort mitgeteilt hat: _____

 - ID oder Bezeichnung des Standorts in Quelle (falls vorhanden): _____

- Mittelpunktcoordinate (ggf. des größten patches) im UTM WGS 84-System als Dezimalwert:
 - Längengrad*: _____
 - Breitengrad*: _____
- Koordinaten-Messunsicherheit* [m]: _____
- Höhe des Fundortes [m]: _____

Angaben zur Population:

¹ Meynen, E., Schmithüsen, J., Gellert, J., Neef, E., Müller-Miny, H., Schultze, H.J. (Hrsg.) (1962): Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands. Verl. der Bundesanstalt für Landeskunde Remagen 1962, 120 S.

- Art vorhanden (bitte ankreuzen)*: ja nein

-Folgende Angaben nur wenn Art vorhanden -

- Flächenausdehnung* [m²]: _____
- Populationsgröße bei 100 % Deckung [m²] (bitte ankreuzen)*:
 - < 0,3 m²
 - 0,3 – 1 m²
 - 1 – 5 m²
 - > 5 m²
- Schätzung der Individuenanzahl (nur für *A. graveolens*, *H. nodiflorum* und *H. inundatum*; ggf. Ermitteln durch Hochrechnung auf Basis mehrerer ausgezählter Quadranten)*:
Anzahl Exemplare: _____
- Fruchtbarkeit (bitte ankreuzen):
 - Viele Exemplare blühend oder fruchtend
 - einige Individuen blühend oder fruchtend
 - keine blühenden oder fruchtenden Individuen
 - keine Aussage möglich
- Variabilität zwischen Individuen ist erkennbar (bitte ankreuzen)*: ja nein

Angaben zum Standort:

- Bodenfeuchte (bitte ankreuzen)*:
 - feucht bis nass und zeitweise überschwemmt oder quellig durchsickert
 - feucht bis nass, aber weder zeitweise überschwemmt noch quellig durchsickert
 - mäßig feucht
 - sonstiges, nämlich: _____
- Lichtverhältnisse (bitte ankreuzen)*:
 - voll besont
 - teilweise beschattet (max. 50 %)
 - beschattet (> 50 %)
- Biotoptyp*:
 - Code*: _____
 - Name*: _____
 - Nach folgender Länderliste (Quellenangabe)*: _____
- Standort im Schutzgebiet (bitte ankreuzen)*:
 - nein
 - ja, teilweise
 - ja, vollständig

wenn ja: Typ* _____

- Aktuelle Nutzung*: (mehrfaches Ankreuzen möglich)
 - Beweidung:
 - Extensiv
 - Intensiv
 - Tierart: _____
 - Mahd
 - Schurrasen
 - Zweimalige Mahd
 - Einmalige Mahd
 - Natürliches oder naturnahes Habitat ohne Nutzung
 - Teichwirtschaft
 - Sonstiges: _____
- Zusätzliche Informationen zur aktuellen Nutzung: _____
- Angaben zum aktuellen Nutzer (idealerweise Name und Anschrift): _____
- Eigentümer (bitte ankreuzen): privat öffentlich sonstig, nämlich: _____
- Angaben zum Eigentümer (idealerweise Name und Anschrift): _____

Angaben zur Gefährdung des Standorts und der Population

- Vitalität (bitte ankreuzen): gering mittel hoch
- Nährstoffreichtum (bitte ankreuzen):
 - keine nährstoffzeigenden Pflanzen auf der Wuchsfläche vorhanden
 - nährstoffzeigende Pflanzen vorhanden (bis max. 25 %) auf der Wuchsfläche
 - viele nährstoffzeigende Pflanzen (> 25 %) auf der Wuchsfläche vorhanden
- Konkurrenz (bitte ankreuzen):
 - keine Konkurrenz mit anderen Arten auf der Wuchsfläche
 - Verdrängung durch andere Art(en) absehbar auf der Wuchsfläche, falls keine Pflege stattfindet
- Befindet sich ein oder mehrere invasive Arten der Schwarzen oder Grauen Liste (BfN) am Standort oder in der unmittelbaren Umgebung?
 - ja nein keine Angabe
- Angaben zu Gefährdungen/Beeinträchtigungen:

Bemerkungen, Ergänzungen: _____

**Pflichtangabe*

Anhang II

Arbeitsanleitung zur Entnahme, Trocknung und Aufbewahrung von Blattmaterial

Es sollen bei jedem zu beprobenden Vorkommen 0,5-1 g Frischmasse der Blätter von je 35 (mindestens 30) Individuen für genetische Analysen sammeln. Das Ernten von mehr als 1 g sollte vermieden werden, um das beprobte Exemplar nicht unnötig zu schädigen.

Beprobungszeit: zwischen der vollen Entwicklung der Blattrosette und dem Beginn des Schossens (Austrieb des Blütenstandes)

Benötigte Materialien (pro Vorkommen): GPS-Gerät, Stift, Digitalkamera, Taschenwaage, evt. Pinzette oder Schere, 3 bis 4 Liter reines Wasser zum Spülen ggf. mit Spülschüssel, rund 50 Haushaltstücher aus Zellstoff, 35 Teefilter, mind. 350g Silica Gel, 1 luftdicht abgeschlossene Plastikbox, ggf. Kühlbox

Vorgehen:

- 1) Auswählen von 35 Exemplare pro Vorkommen, die möglichst gleichmäßig über das Vorkommen verteilt sind.
- 2) Zuweisen eines Identifikationscodes für jedes der 35 Exemplare nach dem Muster:

ID des Vorkommens - Nr. des Individuums

- 3) Fotografieren von 4 repräsentativen Exemplaren, bevor diese beprobt werden.
- 4) Georeferenzieren eines jeden beprobten Exemplars idealerweise mit einem GPS-Gerät mit einer Messunsicherheit < 1 m, sowie Erstellen einer Sicherheitskopie am Fundort durch handschriftliches Notieren der Koordinaten.
- 5) Ernten einer Blattprobe von jedem Exemplar. Aufbewahren in separater Teefiltertüte und Beschriftung der Filtertüte mit dem Identifikationscode:
 - 0,5 – 1 g Blattmasse pro Pflanze (Frischmasse) auf Taschenwaage abwiegen.
 - Falls erforderlich/bei nassem Fundort: Blätter erst reinigen durch Abspülen mit reinem Wasser und anschließend mit Zellstoff o. ä. abtupfen/ kurz vortrocknen.
(Sind die Proben in den Filtertüten zu nass, so „verkleben“ sie später mit diesen und sind nicht ohne weiteres abzulösen. Mit zu vielen Fremdpartikeln kontaminierte Proben sind ungünstig für genetische Analysen.)
 - Blätter in Stücke zerreißen (ca. 1x1 cm), damit die Proben schneller trocknen. Die zum Zerreißen benutzten Hilfsmittel sind zwischen der Bearbeitung verschiedener Exemplarproben zu reinigen, um Kontamination mit Fremd-DNA zu vermeiden.
 - Die mit dem Identifikations-Code beschrifteten und mit Proben gefüllten Filtertüten zum Trocknen des Blattmaterials in einer luftdicht abgeschlossenen Plastikbox mit dem Silica Gel zwischen (nicht in) den Filtertüten einlagern. Bei der Aufbewahrung am Fundort oder im Fahrzeug Material kühl lagern (Temperaturen <30° C).
 - Das Verhältnis von Silica Gel:Frischmasse sollte nicht weniger als 10:1 betragen.
 - Die Blätter sollten in weniger als 24 Stunden vollständig getrocknet sein. Der Trockenheitsstatus ist durch Knicken einer Blattprobe zu prüfen: Das Material ist vollständig trocken, wenn es sauber bricht.
 - Trocken und kühl aufbewahren bis zum Versand. Für den Versand die Plastikboxen gut verschließen und ggf. den Deckel mit Klebeband sichern.

Anhang III

Daten-Erhebungsbogen zur Entnahme von Blattmaterial und weiterer Informationen

- Art*: *Apium graveolens* subsp. *graveolens*
 Helosciadium repens
 Helosciadium inundatum
 Helosciadium nodiflorum

- ID des Vorkommens entsprechend des Erhebungsbogens der Präsenzkontrolle und Begutachtung*:

- Vorkommen wurde wiedergefunden*: ja nein

Wenn nein, Ursache: _____

- Datum der Blattmaterialentnahme [JJJ-MM-TT]*: _____

- Vor- und Nachname des Beprobenden*: _____

- Anzahl beprobter Pflanzen*: _____

- Anordnung der beprobten Pflanzen*: eher linear aufgereiht eher flächig verteilt

- Abstand der beprobten Pflanzen*: überwiegend gleichmäßig (rund ____ Meter)

eher wechselnd

- 1 Pflanze für Herbar entnommen*: ja nein

Angaben zur Population

- Flächenausdehnung in 2016* [m²]: _____

- Größe des Vorkommens bei 100 % Deckung in 2016* [m²]: _____

- Schätzung der Individuenzahl (nur für *A. graveolens*, *H. nodiflorum* und *H. inundatum*):

Anzahl in 2016*: _____

- Geschätzte 100 %-Deckung [m²] sich generativ reproduzierender Pflanzen*: _____

- Geschätzte Anzahl generativ reproduzierender Pflanzen*: _____

- Stand der generativen Reproduktion am Beprobungsdatum*:

keine Blüten oder Früchte nur Blüten mehr Blüten als Früchte

mehr Früchte als Blüten Früchte ausgefallen

- Herkunft der Population: natürlich angepflanzt keine Angabe

falls angepflanzt: ursprüngliche Herkunft: _____

- Jahr der ersten Erwähnung des Vorkommens [JJJ]: _____

- überwiegender Bestandstyp *: Reinbestand der Wildsellerie-Art
 Mischbestand, Wildsellerie-Art dominierend
 gleichverteilter Mischbestand
 Mischbestand, Wildsellerieart vereinzelt
 keine überwiegende Bestandsform (heterogen)
- Beeinträchtigung/Störungen der Wildsellerie-Art konkret durch*:

Angaben zum Fundort

- Falls FFH-Lebensraumtypen: Nr. des FFH-LRTs*: _____
- überwiegende Hangneigung*: eben (0 – 5°) wellig (6 – 10°)
 hügelig (11 – 20°) moderat (21 – 30°)
 steil (> 30°) keine überwiegende Hangneigung
- überwiegende Exposition*: Nord Nordost Ost
 Südost Süd Südwest
 West Nordwest Nord
 keine Angabe möglich (Exposition des Hangs erstreckt sich über mehr als 180°, ist vorherrschend entgegengesetzt oder der Fundort ist eben)
- überwiegende Bodenart des Oberbodens*: (mit Fingerprobe):
 Kies Sand sandiger Lehm Lehm
 toniger Lehm Ton Torf
- Organische Auflage*: ja nein
- falls aquatischer Fundort: Gewässerboden schlammig/schlickig*: ja nein
- Entwässerung der Fläche*: ja nein keine Angabe
Falls ja, Auswirkung der Entwässerung auf die Art*:
 positiv negativ Keine Angabe
- Wasserdargebot*: ständig zeitweilig nie
- Gewässernähe des Wuchsortes*: im Gewässer
 im Übergangsbereich aquatisch/terrestrisch
 terrestrisch
Falls Gewässer*:
Wassertyp*: Süßwasser Salzwasser
Gewässerstatus*: natürlich oder naturnah künstlich/begradet

- Gewässertyp*:
- Fließgewässer
 - Stillgewässer ohne Zulauf
 - Stillgewässer mit regelbarem Zulauf
 - Stillgewässer mit nicht regelbarem Zulauf

- Gesamte Vegetationsdecke*:
 - mehr als 50 % offen bis lückig
 - geschlossen mit kleinräumigen (10 bis 50 %) Lücken
 - geschlossen/ weniger als 10 % Lücken
- Name von invasiven Arten am Fundort laut Schwarzer und Grauer Liste des BfN-Skript 352*:

- Störung/Gefährdung des Fundorts durch*: _____
 Falls Störung: Auswirkung auf die Art*:
 - positiv
 - negativ
 - keine
- Angaben zur historische Nutzung des Fundorts: _____

falls Fundort im Schutzgebiet:

(Falls mehrere Schutzgebietstypen am Fundort zutreffen, für jeden Schutztyp einzeln notieren. Bei *Schutzzweck* und *Schutzziel* kann ein Verweis mit Seitenzahl zu einem Dokument erfolgen, sofern dieses zur Verfügung gestellt wird.):

- 1) Typ*: _____
 - WDPA-Code des Schutzgebiets: _____
 - Name des Schutzgebiets: _____
 - Schutzzweck: _____
 - Schutzziel: _____
 - Flächengröße des Schutzgebiets [ha]: _____
- 2) Typ*: _____
 - WDPA-Code des Schutzgebiets: _____
 - Name des Schutzgebiets: _____
 - Schutzzweck: _____
 - Schutzziel: _____
 - Flächengröße des Schutzgebiets [ha]: _____
- 3) Typ*: _____
 - WDPA-Code des Schutzgebiets: _____
 - Name des Schutzgebiets: _____
 - Schutzzweck: _____

- Schutzziel: _____
- Flächengröße des Schutzgebiets [ha]: _____

(für weitere Schutzgebietstypen bitte Bemerkungsfeld nutzen)

Angaben zu Maßnahmen am Wuchsort:

(Bei Textfeldern kann ein Verweis mit Seitenzahl zu einem Dokument erfolgen, sofern dieses zur Verfügung gestellt wird.):

- Sind Erhaltungsmaßnahmen für den Wildselleriebestand im Pflegeplan berücksichtigt?
 - ja, nämlich: _____
 - in Planung, nämlich: _____
 - nein
- Maßnahmenempfehlung zur Erhaltung und ggf. zur Verbesserung des Erhaltungszustandes des Wildselleriebestands: _____
- Existenz von Maßnahmen ohne Bezug zur Wildsellerieart:
 - ja, nämlich: _____
 - in Planung, nämlich: _____
 - nein
- Bestehende Maßnahmen wird durchgeführt durch: _____
- Zeitraum, Frequenz der Durchführung der jeweiligen Maßnahmen: _____

Entsprechen der Zeitraum, die Frequenz und die Durchführungsweise der Maßnahmen bzw. der vermutlich bestehenden Maßnahmen den Ansprüchen der Wildsellerieart:

 ja, vollständig nein oder nur unzureichend, optimal wäre:

- Festlegung von Managementplan/Pflege- und Entwicklungsplan o.ä. bereits abgeschlossen:
 - ja nein

Sonstiges:

Name und Kontaktdaten eines oder mehrerer naturschutzfachlicher Ansprechpartner für den Fundort, z. B. Gebietsbetreuer, aktiver Naturschutz- oder Landschaftspflegeverband etc., mindestens jedoch der Unteren Naturschutzbehörde*: _____

Bemerkungen und Anmerkungen: _____

**Pflichtangabe*

Anlage IV

Daten-Erhebungsbogen für demographisches Monitoring

ID des Vorkommens: _____

Zielart: _____

Datum des Monitoring: _____

Name des Erfassers: _____

Ausführende Institution: _____

Spezies am Standort noch vorhanden: ja nein

falls nein: Grund: _____

falls ja, dann:

für das gesamte Vorkommen:

Flächenausdehnung des Vorkommens [m²]: _____

Individuenzahl des Vorkommens gesamt: _____

durch das Vorkommen abgedeckte Fläche [m²]: _____

überwiegender Bestandstyp:

- Reinbestand der Wildsellerie-Art
- Mischbestand, Wildsellerie dominierend
- Gleichverteilter Mischbestand
- Mischbestand, Wildsellerie vereinzelt
- keine überwiegende Bestandsform

Vitalität: gering mittel hoch

negative Beeinträchtigungen: _____

Für die 1. Monitoring-Fläche:

Individuenzahl Keimlinge in der Monitoring-Fläche: _____

Individuenzahl Juvenile in der Monitoring-Fläche: _____

durch Juvenile abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl blühender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch blühende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl fruchttragender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch fruchttragende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Für die 2. Monitoring-Fläche (falls vorhanden):

Individuenzahl Keimlinge in der Monitoring-Fläche: _____

Individuenzahl Juvenile in der Monitoring-Fläche: _____

durch Juvenile abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl blühender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch blühende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl fruchttragender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch fruchttragende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Für die 3. Monitoring-Fläche (falls vorhanden):

Individuenzahl Keimlinge in der Monitoring-Fläche: _____

Individuenzahl Juvenile in der Monitoring-Fläche: _____

durch Juvenile abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl blühender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch blühende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl fruchttragender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch fruchttragende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Für die 4. Monitoring-Fläche (falls vorhanden):

Individuenzahl Keimlinge in der Monitoring-Fläche: _____

Individuenzahl Juvenile in der Monitoring-Fläche: _____

durch Juvenile abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl blühender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch blühende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Anzahl fruchttragender Exemplare in der Monitoring-Fläche: _____

durch fruchttragende Exemplare abgedeckte Fläche [m²] in der Monitoring-Fläche: _____

Hinweis:

Die Anzahl von Individuenzahl gesamt, Juvenilen, blühenden Exemplaren und fruchttragender Exemplare ist für die *Helosciadium*-Arten nur zwingend zu erheben, wenn es sich um einen kleinen und überschaubaren Bestand handelt. Eine Zählinheit ist für die *Helosciadium*-Arten eine Rosette bzw. ein Knoten. Gegebenenfalls ist bei den *Helosciadium*-Arten und auch *Apium graveolens* bei größeren Beständen oder sehr unübersichtlicher Wuchsweise auch eine Schätzung/Hochrechnung möglich.

Anhang V

312 Wildsellerie-Fundorte mit Präsenzkontrollen

Die nachfolgenden Tabellen informieren über das Ergebnis der Präsenzkontrolle und Begutachtung bei 312 Wildsellerie-Fundorten und warum die Fundorte zur Kontrolle ausgewählt wurden (Spalte „KP“). Fundorte, an denen die Zielart nicht präsent war, sind grau dargestellt. Bestätigte Fundorte, welche für weiterführende Untersuchung, insbesondere der genetischen Analyse ausgewählt wurden, sind in der 1. Spalte **fett** markiert. Der Grund für die Auswahl ist in Spalte „KB“ angegeben. Durchgestrichene Orte wurden durch die Kartierer durch potentiell geeignetere Fundorte ersetzt.

Angaben zum Naturraum beziehen sich auf die 3. Ordnung nach Meynen, E., Schmithüsen, J., Gellert, J., Neef, E., Müller-Miny, H., Schultze, H.J. (Hrsg.) (1962): Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands. Verl. der Bundesanstalt für Landeskunde Remagen 1962, 120 S.

Zum Schutz der Vorkommen sind die Fundortangaben mit einer Unschärfe von rund 5 km angegeben.

Abkürzungen der Spaltenüberschriften: KP = erfüllte Kriterien für Präsenzkontrolle, N = Anzahl der Exemplare bei der Präsenzkontrolle (bei Angabe eines Schätzbereichs ist der kleinere Wert angegeben), G = akute Gefährdung, KB = erfüllte Kriterien für Entnahme von Blattmaterial und weiterer Arbeiten, bed. Fl. (bei H. repens anstelle von „N“) = durch die Art bedeckte Fläche in m²

Abkürzungen in Spalte KP und KB:

B = Der Fundort wurde ausgewählt, weil er eher zu den Bestandsstarken gehört.

NG = Der Fundort wurde ausgewählt, weil er nicht akut gefährdet ist.

R = Der Fundort wurde ausgewählt, weil er ein geeigneter Vertreter des Naturraums der 3. Ordnung ist.

H = Der Fundort wurde ausgewählt, weil er ein geeigneter Vertreter eines bestimmten Biotoptyps (ggf. je Naturraum) ist.

S = Der Fundort wurde ausgewählt, weil er sich mindestens teilweise in einem Schutzgebiet befindet bzw. bei der Präsenzkontrolle befinden könnte.

A = Der Fundort wurde für die Präsenzkontrolle aufgrund der Aktualität der Fundortangabe ausgewählt.

AN = Der Fundort wurde für die Präsenzkontrolle aufgrund der Vorkenntnisse des Auftragnehmers ausgewählt.

Z = Der Standort wurde vom Auftragnehmer zusätzlich bearbeitet (nur bei Präsenzkontrolle)..

Abkürzungen in Spalte Flächenschutz: FFH = Fauna-Flora-Habitat-Gebiet, FND = Flächennaturdenkmal, gesB = gesetzlich geschütztes Biotop, gesLB = geschützter Landschaftsbestandteil, LSG = Landschaftsschutzgebiet, MAB = Biosphärenreservat, NatP = Naturpark, ND = Naturdenkmal, NP = Nationalpark, NSG = Naturschutzgebiet, SPA = Vogelschutzgebiet

Tab. 1: Fundorte von *Apium graveolens* (Echter Sellerie) mit Präsenzkontrollen

Ort	Kurz-ID ¹	KP	N	G	Naturraum der 3. Ordnung	Biotoptyp	Flächenschutz	KB
Sachsen-Anhalt:								
Die Fundorte ST-SÜLNO und ST-SÜLLW sowie ST-HECBE und ST-HECSA wurden aufgrund der geringen Distanz zueinander für die weitere Bearbeitung jeweils zu einem Vorkommen zusammengefasst.								
Bei Wolmirstedt	ST-ZIELI	B, R	1.000	keine	Märkische Elbtalniederung	Solgraben, Salzbeeinflusstes Grünland	LSG	B, NG, R, S
Bei Helmstedt	ST-WALBE	R	300	keine	Ostbrenschweigisches Flachland	Salzbeeinflusstes Röhricht	kein	B, NG, R
Bei Wanzleben	ST-FAULE	R	11	keine	Magdeburger Börde	Röhricht, Salzbeeinflusstes Grünland	FND	NG
Bei Osterweddingen	ST-ROMÜH	R	150	keine	Magdeburger Börde	Salzbeeinflusstes Grünland, Röhricht	kein	B, NG
Bei Sülzetal	ST-SÜLNO	B, R, S	100	Keine	Magdeburger Börde	Röhricht, Salzbeeinflusstes Grünland	NSG, FFH	B, NG, R, H, S
Bei Sülzetal	ST-SÜLLW	B, R, S	500	keine	Magdeburger Börde	Salzbeeinflusstes Grünland, Bach	NSG, FFH	
Bei Osterweddingen	ST-OSTEW	R, S	10	keine	Magdeburger Börde	Salzbeeinflusstes Grünland, Röhricht, Nasswiese	FFH	NG, H
Bei Staßfurt	ST-HECBE	B	1.000	Keine	Nordöstliches Harzvorland	ausgebauter Bach	kein	B, NG, R, H, S
Bei Staßfurt	ST-HECSA	B, NG, R	1.000	keine	Nordöstliches Harzvorland	Binnen-Salzwiese, Graben mit artenreicher Vegetation	FFH, NSG, LSG	
Bei Staßfurt	ST-STASC	R	3	Ja	Nordöstliches Harzvorland	Röhricht	kein	
Bei Staßfurt	ST-STAMO	R	40	nein	Nordöstliches Harzvorland	Anthr. nährstoffreiches Gewässer	kein	NG, H
Bei Bernburg	ST-NIENB	R, S						
Bei Könnern	ST-FRIED	R	50	keine	Östliches Harzvorland	Ufer eines Solgrabens	LSG	NG, R, S, X
Bei Kuckenburg	ST-KUCKE	R						
Bei Bad Lauchstädt	ST-WANSL	R	70	keine	Seengebiet Mansfelder Land	Salzbeeinflusstes Grünland, Acker	kein	NG, R, H
Bei Halle/Saale	ST-BENWÜ, ST-BENAC	R	1.500	keine	Östliches Harzvorland	Ruderales, mesophiles Grünland, ausgebauter Bach	kein	B, NG, R, H, S
Bei Zscherben	ST-ZSCHE	R						
Bei Querfurt	ST-ROSSL	R	300	mäßig	Helme-Unstrut-Niederung	Sohlgraben	kein	B, R
Bei Lossa	ST-LOSSA	R						
Bei Pörsten	ST-RIPPA	R						

Thüringen:								
Keines der Vorkommen wurde zur Beprobung ausgewählt, insbesondere wegen der geringen Bestand-Stärke und Nähe zu anderen Vorkommen in Sachsen-Anhalt.								
Bei Sangerhausen	TH-KACHS	B, R	24	Keine	Helme-Unstrut-Niederung	Röhricht, natürliche Binnensalzstelle, Graben	FFH, SPA, FND	NG, S
Bei Bad Frankenhausen	TH-ESPER	B, R	20	Keine	Helme-Unstrut-Niederung	Solgraben, natürliche Binnensalzstelle	FFH, SPA	NG
Bei Schlotheim	TH-PÖTHE	B, R	12	Ja	Ringgau, Hainich, Obereichsfeld, Dün-Hainleite	Bach, frische Ruderalflur	kein	R, R, H
Bei Bleicherode	TH-BLEIC	B, R						
Nordrhein-Westfalen:								
Bei Paderborn	NRW-SK (1648)	R	60	Keine	Hellwegbörden	Sicker-, Sumpfwasser, Helokrene; Röhricht	kein	NG, H
Bei Paderborn	NRW-SK (1530)	R	150	keine	Hellwegbörden	Salzrasen, Gewässersaum	NSG, FFH, gesB	B, NG, R, H, S
Hessen:								
Der Fundort bei Nidda wurde trotz geringer Bestandsgröße für weitere Untersuchungen ausgewählt, insbesondere aufgrund der abgeschiedenen Lage und dem Engagement der lokalen Akteure.								
Bei Nidda	HE-BS	R, AN	17	keine	Unterer Vogelsberg	Graben	NatP	NG, R, S
Bei Heringen	HE-HE	B, R, AN						
Niedersachsen:								
Auf Spiekeroog	NI-SP	R	8	keine	Ostfriesische Inseln und Watten	Nasse bis trockene Salzwiese (Brackübergang)	NP, SPA, FFH	NG, R, H, S
Bei Borkum	NDS-BO	R						
Auf Juist	NI-JU	R						
Bei Lüchow	NDS-SY	R, A	42	keine	Lüchower Niederung, Ostheide	Binnensalzstelle	NSG	NG, R, S
Bei Lehrte	NDS-LE	R						
Bei Peine	NDS-KO	B, A	8	Keine	Burgdorf-Peiner Geestplatten	Binnensalzstelle	NSG, FFH	NG, R, S
Bei Hildesheim	NI-HI	B, A	10.000	keine	Innerstebergland	Salzsumpf	kein	B, NG, R, H, S
Bei Schöningen	NDS-JX	B, S	150	Keine	Ostbraunschweig. Hügelland	Anthr. Binnensalzstelle	NSG	B, NG, R, H
bei Hannover	NDS-H	R	6	mäßig	Calenberger Lössbörde	Lehmig-toniger Offenbodenbereich	kein	R, H
Bei Göttingen	NI-GÖ	R	250	keine	Göttingen-Northeimer Wald	Salzsumpf	LSG	B, NG, R, S

Schleswig-Holstein:								
Die Fundorte bei Heiligenhafen als auch bei Neustadt in Holstein wurden aufgrund der geringen Distanz zueinander jeweils zu einem Vorkommen zusammengefasst.								
Bei Kappeln	SH-KAP	R, S	45	keine	Schwansen, Dänischer Wohld und Amt Hütten	Brackröhricht, Obere Salzwiese	FFH, SPA, LSG	NG
Bei Kappeln	SH-OLP	B, R, A	25	keine	Schwansen, Dänischer Wohld und Amt Hütten	Brackwasserröhricht	LSG	NG
Bei Ohe-Schleimünde	SH-OEH (1200,1300, 1320- 1400)	R	1.000	keine	Schwansen, Dänischer Wohld und Amt Hütten	Brackwasserröhricht, obere Salzwiese	NSG, FFH, SPA	B, NG, R, H, S
Bei Ohe-Schleimünde	SH-OEH (1310)							
Bei Lütjenburg	SH-SEHL (0900, 1010)	R	180	keine	Ostholsteinisches Hügel- und Seenland	Brackwasserröhricht	NSG, FFH	B, NG, R, S
Bei Lütjenburg	SH-SEHL (1500)	B						
Bei Neustadt in Holstein	SH-KREM (1315)	R, S	20	Keine	Ostholsteinisches Hügel- und Seenland	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	
Bei Neustadt in Holstein	SH-KREM (1500, 1510)	R, S	52	Keine	Ostholsteinisches Hügel- und Seenland	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	B, NG, R, H
Bei Neustadt in Holstein	SH-KREM (1520)	S	250	keine	Ostholsteinisches Hügel- und Seenland	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	
Bei Heiligenhafen	SH-EICH (1000, 1010)	B, R	3500	Keine	Nordoldenburg und Fehmarn	Brackröhricht, Obere Salzwiese	FFH, SPA, LSG	
Bei Heiligenhafen	SH-EICH (0900, 0910, 1100 - 1120)	B, R	2075	keine	Nordoldenburg und Fehmarn	Brackröhricht, Obere Salzwiese	FFH, SPA, LSG	B, NG, R, H, S
Bei Heiligenhafen	SH-EICH (1200)	R	5000	keine	Nordoldenburg und Fehmarn	Brackröhricht, Obere Salzwiese	FFH, SPA, LSG	
Bei Heiligenhafen	SH-HEIL	B, R, S	200	keine	Nordoldenburg und Fehmarn	Brackröhricht, Obere Salzwiese	NSG, FFH, SPA	B, NG
Auf Fehmarn	SH-FEH	B, R	370	keine	Nordoldenburg und Fehmarn	Obere Salzwiese	FFH, SPA	B, NG, R, H
Bei Steinbergkirche	SH-GBR	B, R	32	keine	Nordoldenburg und Fehmarn	Brackröhricht	kein	NG, S
Bei Ulsnis	SH-ULSN	Z						

Brandenburg:								
In Nuthe-Notte-Niederung	Bbg-JÜ	R	100	Keine	Nuthe-Notte-Niederung	Binnensalzstelle	FFH, NSG, LSG	B, NG, R, H, S
Im Dahme-Seengebiet	Bbg-ST	R	5	keine	Dahme-Seengebiet	Binnensalzstelle	FFH, NSG, LSG	NG, R
Uckermärkisches Hügelland	Bbg-FE	B, R						
Mecklenburg-Vorpommern:								
Auf Hiddensee (Neu-Bessin)	MV-HiN		100	Keine	Nordmecklenburg. Boddenland	Brackröhricht	NP, FFH, SPA	B, NG
Auf Hiddensee	MV-HiAB		300	keine	Nordmecklenburg. Boddenland	oligohalines Salzgrünland	NP, FFH, SPA	B, NG, R, H, S
Bei Ummanz	MV-Heu	R	1200	keine	Nordmecklenburg. Boddenland	Brackröhricht	NP, FFH, SPA	B, NG, S
Bei Barth	MV-Da	R	120	keine	Nordmecklenburg. Boddenland	gestörtes Salzgrünland	FFH, SPA, LSG	B, NG, H
Halbinsel Wustrow (Körkwitz)	MV-Wu		2.000	keine	Nordwestmecklenburg. Hügelland & Wismarbucht	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	B, NG, R, S
Bei Stralsund	MV-D	R	85	keine	Strelasund	Brackröhricht	NSG, FFH, LSG	B, NG
Auf Rügen	MV-Z	R	110	keine	Strelasund	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	B, NG, R
Untere Warnow (Radelsee)	MV-UW		785	keine	Flachwelliges unters Warnowgebiet	Brackröhricht	kein	B, NG, R, S
Bei Greifswald	MV-G		700	keine	Nordmecklenburg. Lehmplatten	Brackröhricht	FFH, SPA, LSG	B, NG, R, H
Bei Greifswald	MV-RD	R	65	keine	Nordmecklenburg. Lehmplatten	Brackröhricht	SPA, LSG	NG, S
Bei Greifswald	MV-W	R	120	keine	Nordmecklenburg. Lehmplatten	Brackröhricht	FFH, SPA, LSG	B, NG
Auf Rügen (Struck)	MV-RS		600	keine	Nordmecklenburg. Boddenland	aufgelassenes Salzgrünland	FFH, SPA	B, NG, H, S
Auf Poel	MV-PV	R	4	keine	Nordwestmecklenburg. Hügelland & Wismarbucht	Brackröhricht	FFH, SPA	NG
Beim Dassower See	MV-DSZ	R	1.000	Keine	Westmecklenburg. Seehügelland	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	B, NG, R

Beim Dassower See	MV-DST	R	900	keine	Westmecklenburg. Seehügelland	Brackröhricht	NSG, FFH, SPA	B, NG
Bei Neu- brandenburg	MV-Sü	R	75	keine	Sternberg-Krakower Seen- und Sandergebiet	Schilfröhricht	NSG, FFH, NatP	B, NG, R, H, S
Auf Poel	MV-PW	Z	12	mäßig	Nordwestmecklenburg. Hügelland & Wismarbucht	mesohalines Salzgrünland	FFH, SPA	H
Auf Rügen	MV-V	Z	6	keine	Höhen und Binnenbodden von Nordrügen	aufgelassenes Salzgrünland	FFH, SPA	NG, R, H
Auf Hiddensee	MV-HIF	Z	21	keine	Nordmecklenburg. Boddenland	Brackröhricht	NP, FFH, SPA	NG
Auf Hiddensee	MV-HIG	Z	130	keine	Nordmecklenburg. Boddenland	Brackröhricht	NP, FFH, SPA	B, NG
Baden-Württemberg:								
Bei Ubstadt- Weiher	BW-UB	B, R	50	mäßig	Kraichgau	Graben	ND	R, H, S

Tab. 2: Fundorte von *Helosciadium repens* (Kriechender Sellerie) mit Präsenzkontrollen

Ort	Kurz-ID ¹	KP	bed. Fl.	G	Naturraum der 3. Ordnung	Biotoptyp	Flächen- schutz	KB
Sachsen-Anhalt: Fundortangaben durch FFH-Monitoring im Jahr 2013 noch aktuell. Fundortbestätigung im Rahmen weiterführender Untersuchungen im Jahr 2016.								
Bei Kraatz	ST-KRAAT	R	1 - 5	keine	Jeetze-Dumme- Lehmplatte und Arendseer Platte	Graben mit artenarmer Vegetation, mesophiles Grünland	FFH	B, NG, R, H, S
Nordrhein-Westfalen: Der Fundort NRW-LP wurde trotz einer eher geringen Bestandsgröße zur weiteren Bearbeitung ausgewählt aufgrund des Interesses der lokalen Akteure.								
Bei Paderborn	NRW-LP	B, R	0,3 - 1	mäßig	Ostmünsterland	vegetationsarme Sandflächen, Abbaugewässer über Lockergestein, niedrig wüchsige Uferfluren	FFH	H, S
Bei Paderborn	NRW-DB	B	> 5	Keine	Ostmünsterland	Nass- und Feuchtweide	NSG, FFH	B, NG, R, H, S
Bei Ahaus	NRW-AH	R, A	1 - 5	Keine	Westmünsterland	Nass- und Feuchtweide	LSG, gesB	B, NG, R, S

Bei Brilon	NRW-BR	R							
Bei Rietberg	NRW-RB	Z	> 5	mäßig	Ostmünsterland	Graben / Nass- und Feuchtgrünlandsaum	kein	B, H, S	
Niedersachsen:									
Bei Dümmer	NI-OM	R	> 5	keine	Diepholzer Moorniederung	naturnahes nährstoffreiches Stillgewässer	NSG, FFH, SPA, NatP	B, NG, R, H, S	
Schleswig-Holstein:									
Bei Lütjenburg	SH-TIV	B, R	> 5	keine	Ostholsteinisches Hügel- und Seenland	Dünental mit Hochstauden	FFH, SPA	B, NG, R, H, S	
Bei Heiligenhafen	SH-EICH	B, R							
Brandenburg:									
Am Großen Selchower See	Bbg-SE (1251)	R, S							
Bei Zützen	Bbg-ZÜ	R, S							
Bei Angermünde	Bbg-PA	R, S	> 5	Keine	Uckermärkisches Hügelland	Feuchte bis nasse Trittrassen	SPA, LSG, MAB	B, NG, R, H, S	
Am Flakensee	Bbg-WO	R, S							
Bei Rathenow	Bbg-SE (1634)	R, S	> 5	Keine	Untere Havelniederung	Feuchte bis nasse Trittrassen	LSG	B, NG, R, S	
Bei Wittenberge	Bbg-KL	B, R, S	0,3 - 1	mäßig	Märkische Elbtalniederung	Abgrabungsgewässer	LSG, SPA	R, H, S	
Bei Jüterborg	Bbg-GR	R							
Bei Neuruppin	Bbg-KA	B, R, S	1 - 5	mäßig	Unteres und oberes Rhin-luch u. Havelländisches Luch	Feuchtweiden, artenreiche Ausprägung	FFH, LSG	R, H	
Bei Schwielochsee	Bbg-JE	R	> 5	keine	Beeskower Platte	Feuchte bis nasse Trittrassen	FFH, LSG	B, NG, R, H, S	
Bei Uckerfelde	Bbg-SE (0948)	B, R, S	1 - 5	mäßig	Uckermärkisches Hügelland	Feuchtweiden, artenreiche Ausprägung	NSG, FFH, MAB	R, H, S	
Bei Wittstock-Ruppiner Heide	Bbg-SC	R							
Am Pätzer See	Bbg-BE	R							

Mecklenburg-Vorpommern:								
Bei 9 Fundorten (Fundorte ohne Jahreszahl in der Spalte KP) wurden im Jahr 2015 Präsenzkontrollen durchgeführt. Bei 3 weiteren (MV-MSc, MV-DS und MV-KKSch) wurden diese im Jahr 2016 nachgeholt. Von weiteren 14 wurden aktuelle Daten des FFH-Monitoring übermittelt. Das Monitoring-Jahr ist in einem solchen Fall in der Spalte KP vermerkt.								
Bei Friedland	MV-PSS	A 2014	< 0,3	Ja	Friedländer Große Wiese	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	NSG, FFH	R, H, S
Bei Malchow	MV-R	A 2011	0,3 – 1	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	LSG	NG
Bei Malchow	MV-FS	B, NG, R, A 2014	> 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Feuchtgrünland	FFH, LSG	B, NG, R, H, S
Bei Güstrow	MV-PS		< 0,3	Ja	Warnow-Recknitz-Gebiet	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	FFH, SPA	R, H
Bei Mirow	MV-SSV	A 2014	< 0,3	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	FFH	NG
Bei der Müritz	MV-LK	A 2013	0,3 – 1	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Feuchtgrünland	NP, FFH	NG
Bei der Müritz	MV-GS	B, NG, R	> 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Frischweide	NSG, FFH, SPA	B, NG, R, H, S
Bei der Müritz	MV-SH		> 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	NSG, FFH, SPA	B, NG
Bei der Müritz	MV-Re	B, NG, R, A 2013	> 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Feuchtgrünland	NP, FFH	B, NG, R, H, S
Bei Treterow	MV-MSc	2014	1 - 5	Keine	Oberes Peenegebiet	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	NP, FFH	B, NG, R, H, S
Bei Neu- brandenburg	MV-PSO		< 0,3	Keine	Oberes Tollensegebiet	Feuchtgrünland	FFH	NG, R, H
Bei Neu- brandenburg	MV-MW		< 0,3	Keine	Oberes Tollensegebiet	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	FFH, LSG	NG, R, H
Bei der Müritz	MV-SP	B, NG, R 2013	> 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	NP, FFH	B, NG, R, S
Bei Wesenberg	MV-WWR	B	1 - 5	Keine	Neustrelitzer Kleinseenland	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	LSG	B, NG, R, H, S
Bei Altentreptow	MV-RTt	A	< 0,3	Keine	Oberes Tollensegebiet	Frischweide	FFH, LSG	NG, R, H
Bei Malchow	MV-DS	A 2013	1 - 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Frischweide	NSG, FFH, NatP	B, NG, R, S
Beim Malchow	MV-FSU	B, NG, R, A 2013	> 5	Keine	Mecklenburg-Großseenland	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	LSG	B, NG, R, H

Bei Schweriner Seen	MV-ZA	A 2014	< 0,3	Keine	Sternberg-Krakower Seen- und Sandergebiet	Feuchtgrünland	FFH	NG, H
Bei Dobbertin	MV-DoS	B, NG, R, A 2013	> 5	Keine	Sternberg-Krakower Seen- und Sandergebiet	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	FFH, NatP, LSG	B, NG, R, H, S
Bei Demmin	MV-GC	B, NG, R, A	1 - 5	Keine	Oberes Peenegebiet	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	NatP, LSG	B, NG, R, H, S
Bei Krakow am See	MV-KSC	B, NG, R, A 2012	> 5	Keine	Sternberg-Krakower Seen- und Sandergebiet	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	FFH	B, NG, R, H, S
Bei Malchow	MV-PSC	B, NG, R, A 2012	> 5	Keine	Mecklenburgisches Großseenland	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	SPA, LSG	B, NG, R, H, S
Bei Krakow am See	MV-KKSch	B, NG, R, A 2012	1 - 5	Keine	Sternberg-Krakower Seen- und Sandergebiet	Flutrasen	NSG, FFH, SPA	B, NG, R, H, S
Bei Malchow	MV-PWC	A 2013	0,3 – 1	Keine	Mecklenburg. Großseenland	Intensivgrünland auf Mineralstandorten	LSG	NG
Bei der Müritz	MV-MU	B, NG, R, A 2013	1 - 5	Keine	Mecklenburg. Großseenland	Feuchtgrünland	NP, FFH	B, NG, H
Bei Demmin	MV-KS	A	0,3 – 1	Keine	Oberes Peenegebiet	Nasswiese eutropher Moor- und Sumpfstandorte	SPA, LSG, NatP	NG, H, S
Bayern:								
Präsenzkontrollen bei 9 weiteren Fundorten fanden nicht statt, da ausreichend aktuelle Daten vorhanden waren.								
Beim Chiemsee	BY-TS_WINK (1001)	B, NG, R, H, S	12	keine	Inn-Chiemsee-Hügelland	Artenreiches Extensivgrünland	NSG, FFH	B, NG, R, H, S
Bei Rosenheim	BY-RO_SCHL	B, NG, R, H, S	3	keine	Inn-Chiemsee-Hügelland	Magere Vielschnitt-Fettwiese mit Nässezeigern	FFH	B, NG, R, H, S
Bei Regensburg	BY-KEH_NIED (1005)	B, NG, R, H, S	5	keine	Donau-Isar-Hügelland	Seggen- oder binsenreiche Nasswiesen, Sümpfe	FFH	B, NG, R, H, S
Bei Großweil	BY-GAP_KLEI	B, NG, R, H, S	6	keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Seggen- oder binsenreiche Nasswiesen, Sümpfe	FFH	B, NG, R
Bei Deggendorf	BY-DEG_NATT	B, NG, R, H, S						
Bei Bayrischzell	BY-MB_VALE	B, NG, R, H, S	0,5	keine	Mangfallgebirge	Magere Cynosurion-Weide	FFH	NG, R, H
Bei Bayrischzell	BY-MB_BAYR	B, NG, R, H, S						
Bei Garm.-Part.	BY-GAP_ESCH (1044)	NG, R, H, S	1	keine	Kocheler Berge	Seggen- oder binsenreiche Nasswiesen, Sümpfe	FFH	B, NG, R
Beim Chiemsee	BY-TS_OBER	NG, R, H, S	0,2	Ja	Inn-Chiemsee-Hügelland	Artenreiches Extensivgrünland	FFH	

Bei Reit im Winkl	BY-TS_WI NK (1014)	B, NG, R, H	20	keine	Loferer und Leoganger Alpen	Artenreiches Extensivgrünland	kein	B, NG, R, H, S
Beim Tegernsee	BY-MB_BAD	B, NG, R, H	21	Keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Vielschnitt-Parkrasen	LSG	B, NG, R, H, S
Beim Starnberger See	BY-STA_ST	B, NG, R, H	5	keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Vielschnitt-Parkrasen	LSG	B, NG
Beim Chiemsee	BY-TS_HIRS	B, NG, R, H	11	Ja	Inn-Chiemsee-Hügelland	Seggen- oder binsenreiche Nasswiesen, Sümpfe	LSG	B, R
Bei Deggendorf	BY-DEG_FISC	B, NG, R, H	4	keine	Dungau	Seggen- oder binsenreiche Nasswiesen, Sümpfe	kein	B, NG, R, H, S
Beim Chiemsee	BY-TS_CHIE	B, NG, R, H						
Beim Schliersee	BY-MB_KRAI	NG, R, H						
Beim Tegernsee	BY-MB_BAYE	NG, R, H						
Bei Fischbachau	BY-MB_TRAC	B, NG, R, H, S	55	keine	Mangfallgebirge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, NG, R, H, S
Beim Tegernsee	BY-MB_TRIN	B, NG, R, H, S	50	keine	Mangfallgebirge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, NG, R, H
Bei Walgau	BY-TOEL_JACH	B, NG, R, H, S	10	Ja	Kocheler Berge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, R, H
Beim Tegernsee	BY-MB_WILD (1001)	B, NG, R, H, S	4	keine	Mangfallgebirge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, NG
Bei Dachau	BY-DAH_KARL	B, NG, R, H, S	1,5	keine	Münchener Ebene	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	NSG, FFH, LSG	B, NG, R, H, S
Bei Grafing	BY-EBE_GLON	B, NG, R, H, S	5	keine	Inn-Chiemsee-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, NG, R, H
Bei Bad Tölz	BY-TOEL_UNTE	B, NG, R, H, S	3	keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, NG
Bei Bad Tölz	BY-TOEL_LEXE	B, NG, R, H, S	10	keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	B, NG, R, H
Bei Weilheim	BY-WM_ETTI	B, NG, R, H, S	2	Ja	Ammer-Loisach-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH, ND	B, S
Bei Haag in Oberbayern	BY-MUE_MARS	B, NG, R, H, S	4	keine	Inn-Chiemsee-Hügelland	Natürliche und naturnahe Fließgewässer	FFH, ND	B, NG, R, H, S
Bei Holzkirchen	BY-RO_OBER	B, NG, R, H, S	1,2	keine	Inn-Chiemsee-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH, LSG	B, NG, S
Bei Regensburg	BY-KEH_NIED (1007)	B, NG, R, H, S	0,5	mäßig	Donau-Isar-Hügelland	Natürliche und naturnahe Fließgewässer	NSG, FFH	R, H, S

Bei Landau	BY-DGF_ KOEN-	B, NG, R, H, S							
Bei Legau	BY-MN_OBER	B, NG, R, H, S							
Bei Ludwigsburg	BY-MN_ QMBE	NG, R, H, S	0,1	keine	Unteres Illertal	Quellen und Quelfluren, naturnah	FFH	NG, R, H, S	
Bei Ludwigsburg	BY-MN_BABE	NG, R, H, S	0,2	mäßig	Unteres Illertal	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	FFH	R	
Bei Garm.-Part.	BY-GAP_FARC	B, NG, R, H	50	keine	Kocheler Berge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG, R, H, S	
Bei München	BY-MN_TIEF	B, NG, R, H	1	keine	Iller-Lech-Schotterplatten	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG	
Bei Ruhpolding	BY-TS_WAIC	B, NG, R, H	15	keine	Chiemgauer Alpen	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG, R, H, S	
Bei Reit im Winkl	BY-TS_GATT	B, NG, R, H	5	keine	Chiemgauer Alpen	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation		B, NG	
Beim Tegernsee	BY-MB_WEIS	B, NG, R, H	5	keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	LSG, gesLB	B, NG, R, H, S	
Beim Chiemsee	BY-RO_WEIS	B, NG, R, H	2	keine	Inn-Chiemsee-Hügelland	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG, R, H, S	
Bei Oberaudorf	BY-RO_ARZM	B, NG, R, H	1,5	keine	Mangfallgebirge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	LSG	B, NG, R, H, S	
Bei Kaufbeuren	BY-KF_NEUG	B, NG, R, H	3	keine	Iller-Lech-Schotterplatten	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG, R	
Bei Kaufbeuren	BY-KF_KAUF	B, NG, R, H	19	keine	Lechvorberge	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG, R, H, S	
Bei Mindelheim	BY-MN_SALG	B, NG, R, H	5	keine	Iller-Lech-Schotterplatten	Fließgewässer mit flutender Wasservegetation	kein	B, NG, R, H, S	
Bei Frasdorf	BY-RO_FRAS	NG, R, H							
Bei Legau	BY-MN_LAUS	NG, R, H							
Bei Groissen	BY-TS_GROI	NG, R, H							
Beim Ammersee (2016)	BY-LL_BISC	A	> 5	keine	Ammer-Loisach-Hügelland	Natürliche und naturnahe Fließgewässer	gesB	B, NG, R, H, S	
Bei Garm.-Part. (2016)	BY-GAP_E SCH (1096)	A	> 5	keine	Kocheler Berge	Magere Fettweide mit Nasswiese und Großseggenried	FFH	B, NG, R, H, S	
Bei Lechbruck am See (2016)	BY-WM_SAUW	A	1 - 5	keine	Lech-Vorberge	Rinderweide	FFH, gesB	B, NG, R, H, S	

Tab. 3: Fundorte von *Helosciadium nodiflorum* (Knotenblütiger Sellerie) mit Präsenzkontrollen

Ort	Kurz-ID ¹	KP	N	G	Naturraum der 3. Ordnung	Biotoptyp	Flächenschutz	KB
Nordrhein-Westfalen:								
Bei Jülich	NRW-JÜ	R						
Bei Aachen	NRW-AA	R	300	keine	Jülicher Börde	Bachröhricht	LSG, gesB	B, NG, R, H, S
Bei Hückelhoven	NRW-HÜ	Z	150	mäßig	Jülicher Börde	Bachröhricht	LSG	B, R, S
Hessen:								
Bei Werschau	HE-WE	R, AN	20	Ja	Limburger Becken	An Böschungen verkrauteter Gräben	kein	R, S
Bei Pohlheim-Leigestern	HE-LE	R, AN						
Bei Ockstadt	HE-OK	B, R						
Bei Ahausen	HE-AH	B, R						
Niedersjosbach	HE-NJ	B, R	120	keine	Hoher Taunus	An Böschungen verkrauteter Gräben	NatP	B, NG, R, H,S
Bei Kostheim	HE-KO	B, R						
Bei Gr.-Buseck	HE-GB	B, R						
Friedberg-Ockstadt	HE-OC	Z	90	keine	Wetterau	An Böschungen verkrautete Gräben	kein	B, NG, R, H, S
Rheinland-Pfalz:								
Im Eisbachtal	RLP-19	A						
Bei Maudach	RLP-20		500	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	kein	B, NG, R, H,S
Bei Miesenheim	RLP-18							
Bei Wachenheim	RLP-23		25	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	kein	NG
Thaleischweiler	RLP-22	R						
Bienwald	RLP-24	S	500	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	FFH, SPA, LSG	B, NG, R, S
Bienwald	RLP-21	B, S	3	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	NSG	NG, S
Kell-Andernach (Krayermühle)	RLP-25		30	keine	Unteres Mittelrheingebiet	Bach	kein	NG, R, H
Bei Ruitsch	RLP-1	AN	500	keine	Mittelrheinisches Becken	naturnaher Bach	NSG, FFH, SPA	B, NG, R, H,S

Bei Heidesheim	RLP-2	AN							
Bei Gonsenheim	RLP-3	AN	1.000	keine	Unteres Naheland	Graben	LSG	B, NG, R, H,S	
Bingen-Kempton	RLP-4	R, AN							
Bei Bodenheim	RLP-5	AN	200	keine	Unteres Naheland	Graben	kein	B, NG	
Bei Udert	RLP-16	R, AN	100	Keine	Montabaurer Westerwald	gekrümmtes Bächlein	kein	B, NG, R, H,S	
Bei Spiesheim	RLP-6	AN	100	keine	Unteres Naheland	Graben	kein	B, NG	
Bei Lörzweiler	RLP-7	AN	500	Keine	Unteres Naheland	Schlammfläche	kein	B, NG, R, H,S	
Bei Fockenberg-Limbach (Hilsch-Berg)	RLP-15	AN							
Bei Otterbach	RLP-17	R,AN							
Bei Mauenheim	RLP-8	AN	50	keine	Unteres Naheland	Renaturierter Bach	kein	NG, H	
Bei Alsheim	RLP-9	AN	500	keine	Unteres Naheland	Graben	kein	B, NG, R, S	
Bei Erpolzheim	RLP-10	AN	100	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	FFH, SPA, LSG	B, NG, R, S	
Bei Helmbach	RLP-11	AN	200	keine	Haardtgebirge	Quellbereich	kein	B, NG, H, S	
Bei Böhl	RLP-12	AN	10	keine	Vorderpfälzer Tiefland	naturnaher Bach	kein	NG, H	
Hinterweidental	RLP-13	AN	2	keine	Haardtgebirge	naturnaher Bach	kein	NG, H	
Bei Schönau	RLP-14	AN							
Bei Hofstetten	RLP-W01	AN	1.200	keine	Haardtgebirge	Bach	FFH, NatP, MAB	B, NG, R, H, S	
Bei Rinthal	RLP-W02	AN	1.500	Keine	Haardtgebirge	Bach	FFH, NatP, MAB	B, NG, R, H, S	
Beim Freischbach-Tal	RLP-W03	AN	600	Keine	Haardtgebirge	Bach	FFH, NatP, MAB	B, NG	
Beim Wellbach-Tal	RLP-W04	AN	80	Keine	Dahner Felsenland	Bach	FFH, NatP, MAB	NG, R, H, S	
Beim Freischbach-Tal	RLP-W05	AN	1.000	Keine	Haardtgebirge	Bach	FFH, NatP, MAB	B, NG, R, H, S	
Beim Freischbach-Tal	RLP-W05a	Z	1.500	keine	Haardtgebirge	Teich	FFH, NatP, MAB	B, NG, R, H, S	
Beim Queich-Tal	RLP-W06	AN	150	Keine	Dahner Felsenland	Bach	FFH, NatP, MAB	B, NG, R, H, S	
Bei Hauenstein	RLP-W07	AN	500	Keine	Haardtgebirge	Bach	FFH, NatP, MAB	B, NG, S	
Beim Hermanns-Tal	RLP-W08	AN	20		Dahner Felsenland	Bach	MAB		
Bei Nesselberg	RLP-W09	AN	15		Dahner Felsenland	Bach	MAB		
Beim Bodmer-Tal	RLP-W10	AN	10		Dahner Felsenland	Bach	MAB		
Schlangenborner Dell	RLP-W11	AN	1		Dahner Felsenland	Bach	MAB		

Bei Silz	RLP-W12	AN	50	keine	Dahner Felsenland	Bach	MAB	NG, S
Bei Landau	RLP-W15	AN	140		Vorderpfälzer Tiefland	Bach	kein	B, H
Freimersheim	RLP-W17	AN	200		Vorderpfälzer Tiefland	Graben	kein	B
Niederlustadt	RLP-W20	AN	50	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	kein	
Bei Bellheim	RLP-W21	AN	1.000	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	FFH, SPA	B, NG, R, H, S
Bei Knittelsheim	RLP-W22	AN	1.200	keine	Vorderpfälzer Tiefland	Graben	kein	B, NG, R, H, S
Bei Herxheim	RLP-W23	AN	50		Vorderpfälzer Tiefland	Graben	Kein	
Bei Germersheim	RLP-W25	AN	5		Vorderpfälzer Tiefland	Graben	kein	
Saarland:								
Die Fundorte wurden erst im Jahr 2016 begutachtet. Bei SAAR-PE wurden aufgrund der geringen Bestandsstärke keine weiteren Untersuchungen vorgenommen.								
Bei Großrosseln	SAAR-GR	R						
Bei Perl	SAAR-PE	R	30	keine	Mosel-Saar-Gau	Graben	Kein	NG, R, H, S

Tab. 4: Fundorte von *Helosciadium inundatum* (Flutender Sellerie) mit Präsenzkontrollen

Ort	Kurz-ID ¹	KP	N	G	Naturraum der 3. Ordnung	Biotoyp	Flächenschutz	KB
Sachsen-Anhalt:								
Bei Jeggau	ST-JEGGA	B, R, S	1.000	keine	Drömling	Natürl. Seen mit Magnopotamion- od. Hydrocharition- Vegetation	NSG, FFH, NatP	B, NG, R, H, S
Bei Mieste	ST-MIEST	R						
Bei Neuekrug	ST-NEUEK	B, R						
Bei Schweinitz	ST-SCHWE	R, S						
Bei Schmölau	ST-SCHMÖ	Z						
Nordrhein-Westfalen:								
In Wahner Heide								
Betreten der Fläche wurde nicht genehmigt: Präsenzkontrolle wurde nicht durchgeführt								
Bei Dülmen	NRW-DÜ	R						
Bei Paderborn	NRW-PB	R						
Bei Hopsten	NRW-HP	R						
Bei Rheine	NRW-RH	R						
Bei Metelen	NRW-MT (1210)	R	70		Westmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	NSG, SPA	
Bei Metelen	NRW-MT (1328)	R	150	mäßig	Westmünsterland	Naturschutzteich, mesotroph	NSG, SPA	B, R, H, S

Bei Vreden	NRW-VR	R	10	mäßig	Westmünsterland	Heideweiher, period., mesotroph	SPA, gesB	S
Bei Warendorf	NRW-WA	R	1.100	keine	Ostmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	NSG, gesB	B, NG, R, H,S
Bei Gütersloh	NRW-HL	R	34	keine	Ostmünsterland	Fischteich, mesotroph, period.	NSG, FFH, gesB	NG, H, S
Bei Minden	NRW-RH	R						
Bei Espelkamp	NRW-EP	R						
Bei Gronau	NRW- GR (1538)	R	5		Westmünsterland	Heideweiher, mesotroph	NSG, FFH, SPA, gesB	
Bei Gronau	NRW- GR (1708)	R						
Bei Gronau	NRW-GR (1352)	R						
Bei Gronau	NRW-GR (1543)	R	800	mäßig	Westmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	LSG, gesB	B, R, H, S
Bei Ochtrup	NRW-OC (1701)	R	1.200	Keine	Westmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	NSG	B, NG, R, H
Bei Ochtrup	NRW-OC (1921)	Z	300	mäßig	Westmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	NSG	B, R
Bei Ochtrup	NRW-OC (1539)	Z	200	mäßig	Westmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	NSG, FFH, gesB	B, R, H, S
Bei Ochtrup	NRW-OC (1829)	Z	450	Keine	Westmünsterland	Tümpel (period.), mesotroph	NSG	B, NG, R, H, S
Niedersachsen:								
Wesermündung	NI-CX	B, S						
Bei Hotgast	NDS-GF	S	3	keine	Ostfriesische Geest	Naturnahes nährstoffarmes Stillgewässer	LSG	NG, R, H, S
Bei Horneburg	NI-HO	S						
Moormerland	NI-MO	S						
Im NSG Holtgast	NI-HG	S						
Im NSG Eispohl	HB-EIS	S						
Dammersmoor	NI-GY							
Bei Zeven	NI-EL		3	mäßig	Zevener Geest	Naturfernes Stillgewässer	kein	R, H, S
Bei Hitzacker/Elbe	NDS-LV	B	1000	mäßig	Unter Mittelbe-Niederung	Nährstoffreicher Graben	MAB	B, R, H, S
Bei Lilienthal	NI-TB	B, NG, S						

Bei Borgsfelder Wümmenwiese	HB-BW	B, S							
Zevener Geest	NI-QK								
Wümme-Arm	NI-WN								
Uelzene Becken & Ilmenau- niederung	NDS-BW	R, A	8	mäßig	Uelzener Becken und Ilmenaaniederung	Naturnahes nährstoffarmes Stillgewässer	kein	R	
Bei Wehningen	NDS- WE	B, R							
Bei Friesoythe	NI-BS	B	400	keine	Hunte-Leda-Moorniederung	naturnahes nährstoffarmes Stillgew., mesotroph, kalkarm	kein	B, NG, H, S	
Bei Oldenburg	NI-BH	S	10.000	keine	Hunte-Leda-Moorniederung	Nährstoffreicher Graben/Stillgew. mit mittlerem Basengehalt	NSG, FFH, NatP	B, NG, R, H, S	
Im Verdener Westertal	NI-AC	B, R							
Bei Lüchow	NDS-DÜ		200	keine	Lüchower Niederung	Nährstoffreicher Graben	NatP, SPA	B, NG, R, H,S	
Bei Gorleben	NDS-ME		200	keine	Untere Mittelbe- Niederung	Naturferner Wiesentümpel (period.), Uferbereich	FFH, SPA, MAB	B, NG, R, H, S	
In Hunteniederung	NI-HA (1615)								
Bei Cloppenburg	NDS-AHT		150	keine	Delmhorster Geest	Naturferner Fischteich	FFH, NatP	B, NG, H, S	
Bei Dötlingen	NDS-PO		4	keine	Delmhorster Geest	Waldtümpel, Sandiger Offenlandbereich	NatP	NG, H, S	
Melchiorshausen	NI-WY								
Lüchower Niederung	NDS-PZ	B, A							
Sögeler Geest	NI-SÖ	B							
Bei Visbek	NI-AS		20	mäßig	Cloppenburg Geest	Naturfernes Stillgewässer	kein		
Bei Wildeshausen	NDS-DÖ	B	1.000	keine	Delmhorster Geest	Naturnahes Altwasser	NatP, ND, LSG	B, NG, R, H,S	
Bei Lüneburg	NDS-RT	B, A	3	mäßig	Ostheide	Naturnahes nährstoffreiches Stillgewässer, Angelweiher	kein		
Bei Prezier	NDS-LG								
In Cloppenb. Geest	NI-LE		1.000	keine	Cloppenburg Geest	Waldtümpel	kein	B, NG, R, H, S	
Bei Meppen	NI-HÜ	B, A	50	keine	Sögeler Geest	Flutrasen	FFH, LSG	NG, H, S	
Bei Papenburg	NI-BO	S	250	keine	Sögeler Geest	Heide-/Waldtümpel	NSG, FFH, LSG	B, NG, R, H, S	
Bei Wiesenschlatt	NI-AD	B, R	10		Syker Geest	Wiesentümpel (period.), mesotroph	kein	R	
Aller- Talsandebene	NDS-EF	B	2.500	keine	Aller-Talsandebene	Stillgewässer mit Strandlings- oder Zwergbinsen-Gesellschaften	FFH, LSG	B, NG, H, S	

Bei Ostenholz	NDS-BE								
Bei Südheide	NDS-EV								
Bei Wittigen	NDS-LÜ		250	keine	Ostheide	Nährstoffreicher Graben	kein	B, NG, R, H,S	
Bei Meppen	NI-DÖ		1.000	keine	Lingener Land	Flussaue	FFH	B, NG, H, S	
Im Linger Land	NI-BÜ		20	keine	Lingener Land	Naturfernes Gewässer	FFH	NG	
Bei Haselünne	NI-HA (1305)		10.000	Keine	Lingener Land	Flussaue	FFH	B, NG, R, H, S	
Bei Haselünne	NI-HA (1607-1700)	B, S	1.000	Keine	Lingener Land	Flussaue	NSG, FFH	B, NG, H, S	
Bei Dinklage	NI-DL	B	400	Keine	Bersenbrücker Land	naturnahes nährstoffarmes Stillgewässer (period.), kalkarm	LSG	B, NG, R, H, S	
In Aller-Talsandebene	NDS-HO	B	10.000	mäßig	Aller-Talsandebene	Naturnahes Altwasser	FFH, SPA	B, R, H, S	
Bei Getelo	NI-GE								
In Diepholzer Moorniederung	NI-DH	R							
Im Tunnenmoor	NDS-TM	B							
Aller-Altwasser	NDS-LA	R							
Im Drömling	NDS-GI	R, S	3		Drömling	Nährstoffreicher Graben	NSG, FFH, SPA	R, H, S	
Bei Nordhorn-Bentheim	NI-BE	B, A	100	keine	Nordhorn-Bentheimer Sandniederung	Hochmoorweiher	NSG, FFH, SPA	B, NG, H, S	
Bei Poggenort	NDS-PO	R							
Bei Nordhorn-Bentheim	NI-WE		10.000	keine	Nordhorn-Bentheimer Sandniederung	Wiesentümpel	FFH	B, NG, R, H, S	
Bei Emsbüren	NI-KF	S, A	1.000	keine	Nordhorn-Bentheimer Sandniederung	Schlatthochmoor	NSG, FFH	B, NG, H, S	
Bei Engden	NI-IN70								
Ahlde-Käsevenn	NI-AH								
Bei Samerrott	NI-SA		1.000	keine	Westmünsterland	Wiesentümpel, Graben	kein	B, NG, H, S	
Bei Salzbergen	NI-SB	R							
Gildehauser Venn	NI-AC	B, S							
Tongrube bei Osnabrück	NI-OS (1600)								
Westlich Osnabrück	NI-OS (1530)								
Bei Ottersberg	NI-WS								
Gildehauser Venn 2	NI-GI (1700, 1701)	B, S	10.000	keine	Westmünsterland	Moorweiher, Wiesentümpel	NSG, FFH	B, NG, R, H, S	

Bei Gut NI-GI (1600, 1730, B, S
Herrenfehn 1830, 1900)

Schleswig-Holstein:

Auf Amrum	SH-ND	R, AN	50	Keine	Nordfriesische Geestinseln	sonstiges Kleingewässer	LSG	NG, R, H, S
Auf Sylt	SH-LI	R	50	Keine	Nordfriesische Geestinseln	eutrophes Kleingewässer	Kein	NG, R, H, S
In Bordelumer Heide	SH-SOH	R, S	5.000	keine	Schleswiger Vorgeest	sonstiges Kleingewässer	kein	B, NG, R, H, S

Brandenburg:

Bei Köthen Bbg-KÖ

Bei Caminchen Bbg-CA

Bei Guteborn Bbg-GU

Mecklenburg-Vorpommern:

Der Fundort wurde trotz einer geringen Bestandsgröße für weitere Untersuchungen ausgewählt, insbesondere da es sich um das östlichste und ein sehr entlegenes Vorkommen handelt und Interesse bei Beteiligten vor Ort besteht.

Auf Hiddensee	MV-NN	13	Nordmecklenburgisches Boddenland	Zwergbinsenrasen und Teichbodenflur	NP, FFH, SPA	R, H, S
----------------------	-------	----	----------------------------------	-------------------------------------	--------------	---------

¹Die vollständige ID eines Vorkommens besteht zusätzlich aus einer Datum- und Zeitangabe, die sich auf die Präsenzkontrolle bezieht. Die vollständigen IDs sind im Datenportal des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie“ (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) einsehbar.

Anhang VI

108 Wildsellerie-Vorkommen mit weiterführenden Untersuchungen

Die nachfolgende Tabelle informiert über das Ergebnis der Entnahme von Blattmaterial und eines Exemplars zur Einlagerung in das Herbarium Osnabrück von Wildsellerie-Vorkommen, die für weiterführende Untersuchungen ausgewählt wurden sowie für welche Vorkommen die Einrichtung eines genetischen Erhaltungsgebietes (GenEG) empfohlen wird (**fett** markiert in der 1. und 2. Spalte) und aus welchem Grund. Die Auswahlkriterien werden im Abschnitt 5.1.7 im Abschlussbericht erläutert.

Angaben zum Naturraum beziehen sich auf die 3. Ordnung nach Meynen, E., Schmithüsen, J., Gellert, J., Neef, E., Müller-Miny, H., Schultze, H.J. (Hrsg.) (1962): Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands. Verl. der Bundesanstalt für Landeskunde Remagen 1962, 120 S.

Zum Schutz der Vorkommen sind die Fundortangaben mit einer Unschärfe von rund 5 km angegeben.

Abkürzungen: BBG = Brandenburg, BW = Baden-Württemberg, BY = Bayern, GenEG = Genetisches Erhaltungsgebiet, HE = Hessen, MV = Mecklenburg-Vorpommern, NI = Niedersachsen, NRW = Nordrhein-Westfalen, RLP = Rheinland-Pfalz, SH = Schleswig-Holstein, ST = Sachsen-Anhalt

Ort (Bundesland-Kürzel), Kurz-ID des Vorkommens ¹	Labor ID	Ausreichend Blattproben für genetische Analyse	Herbar- beleg vorhanden	Bemerkung	Grund für Empfehlung als GenEG
<i>Apium graveolens</i> (Echter Sellerie)					
Bei Wolmirstedt (ST) ST-ZIELI	AgZIE	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Helmstedt (ST) ST-WALBE	AgWA	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Vorkommen mit größter genetischer Differenzierung und genetischer Abweichung zum Komplement
Bei Sülzetal (ST) ST-SÜLNO, ST-SÜLLW	AgSUE	JA	JA		Großer und weit verteilter Bestand; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Bei Staßfurt (ST) ST-HECBE, ST-HESCA	AgHEC	JA	JA		Repräsentiert die genetische Ausstattung des Komplements am besten; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Bei Könnern (ST) ST-FRIED	AgFRI	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von ST-HEC besser erfüllt
Bei Halle/Saale (ST) ST-BENWÜ, ST-BENAC	AgBEN	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von ST-HEC besser erfüllt
Bei Querfurt (ST) ST-ROSSL	AgROS	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums

Bei Paderborn (NRW) NRW-SK	AgSK	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Bei Nidda (HE) HE-BS	AgHES	JA	NEIN	geringe Bestandsgröße	einzigster Vertreter des Naturraums; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Bei Lüchow (NI) NDS-SY	-	NEIN	NEIN	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt
Bei Hildesheim (NI) NI-HI	AgHI	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Schöningen (NI) NDS-JX	AgJX	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Göttingen (NI) NI-GÖ	AgGOE	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-HI besser erfüllt
Bei Ohe-Schleimünde (SH) SH-OEH	AgOEH	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von SH-EICH besser erfüllt
Bei Lütjenburg (SH) SH-SEHL	AgSEHL	JA	JA		Für einen günstigen Erhaltungszustand ist Anpassung der Flächenunterhaltung erforderlich
Bei Neustadt in Holstein (SH) SH-KREM	AgKRE M	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von SH-EICH besser erfüllt
Bei Heiligenhafen (SH) SH-EICH	AgEICH	JA	JA		Großer und weit verteilter Bestand; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Auf Fehmarn (SH) SH-FEH	AgFEH	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von SH-EICH besser erfüllt
In Nuthe-Notte-Niederung (BBG) Bbg-JÜ	AgBBG	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Auf Hiddensee (MV) MV-HiAB	AgHID	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-DSZ besser erfüllt
Bei Ummanz (MV) MV-Heu	AgHEU	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-DSZ besser erfüllt; Bestand Vorkommen nur mit größerem Aufwand zu erreichen
Bei Barth (MV) MV-Da	AgDA	JA	JA	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-DSZ besser erfüllt
Halbinsel Wustrow (MV) MV-Wu	AgWU	JA	JA	großer und weit verteilter Bestand	bester Vertreter des Naturraums
Untere Warnow (MV) MV-UW	AgUW	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-DSZ besser erfüllt
Bei Greifswald (MV) MV-G	AgG	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums

Beim Dassower See (MV) MV-DSZ	AgDZ	JA	JA		bester Vertreter des Naturraums
Bei Neubrandenburg (MV) <i>MV-Sü</i>	AgSL	JA	NEIN	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-DSZ besser erfüllt
Bei Ubstadt-Weiher (BW) BW-UB	AgBW	JA	NEIN	keine Genehmigung, ersatzweise Beprobung der Erhaltungskultur	einzigster Vertreter des Naturraums; südlichstes Vorkommen Deutschlands; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
<i>Helosciadium repens (Kriechender Sellerie)</i>					
Bei Kraatz (ST) ST-KRAAT	14R	JA	JA	geringe Bestandsgröße	einzigster Vertreter des Naturraums; Erhaltungsinitiative wird von lokalen Naturschutz-Akteuren befürwortet
Bei Paderborn (NRW) <i>NRW-LP</i>	7R	JA	JA	Geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NRW-DB besser erfüllt
Bei Paderborn (NRW) NRW-DB	8R	JA	JA		bester Vertreter des Naturraums
Bei Dümmer (NI) NI-OM	9R	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Erhaltungsinitiative wird von lokalen Naturschutz-Akteuren befürwortet; Erhaltungsmaßnahmen finden bereits statt
Bei Lütjenburg (SH) SH-TIV	10R	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Vorkommen bereits im Fokus örtlicher Naturschutz-Akteure, die auch Flächeneigentümer sind
Bei Angermünde (BBG) <i>Bbg-PA</i>	11R	JA	JA	geringe Vitalität und Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-GC besser erfüllt
Bei Rathenow (BBG) Bbg-SE	12R	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Schwielochsee (BBG) Bbg-JE	13R	JA	JA	großer und weit verteilter Bestand	einzigster Vertreter des Naturraums
Bei der Müritz (MV) MV-GS	3R	JA	JA		größtes Vorkommen im nördlichen Verbreitungsgebiet von Deutschland
Bei Teterow (MV) <i>MV-MS</i>	4R	JA	JA	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-GC besser erfüllt
Bei Wesenberg (MV) <i>MV-WWR</i>	2R	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von MV-GS und MV-DS besser erfüllt
Bei Malchow (MV) MV-DS	5R	JA	JA		Vorkommen bereits im Fokus örtlicher Naturschutz-Akteure, die auch Flächeneigentümer sind
Bei Demmin (MV) MV-GC	1R	JA	JA		bester Vertreter des Naturraums
Bei Krakow am See (MV) <i>MV-KKSch</i>	-	NEIN	NEIN	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt

Beim Chiemsee (BY) BY-TS_WINK (1001)	27R	JA	JA		Großer Bestand innerhalb eines NSG und FFH-Gebiet
Bei Regensburg (BY) BY-KEH_NIED	18R	JA	JA		repräsentiert die genetische Ausstattung des Komplements am besten
Bei Reit im Winkl (BY) BY-TS_WINK (1014)	26R	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Deggendorf (BY) <i>BY-DEG_FISC</i>	15R	JA	JA	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-KEH_NIED besser erfüllt
Bei Fischbachau (BY) <i>BY-MB_TRAC</i>	21R	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-MB_TRIN besser erfüllt
Beim Tegernsee (BY) BY-MB_TRIN	22R	JA	JA	großer, aquatischer Bestand	bester Vertreter des Naturraums; Vorkommen mit größter genetischer Differenzierung und genetischer Abweichung zum Komplement
Beim Tegernsee (BY) <i>BY-MB_WILD</i>	23R	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-MB_TRIN besser erfüllt
Bei Haag in Oberbayern (BY) <i>BY-MUE_MARS</i>	25R	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-TS_WINK (1001) besser erfüllt
Bei Garmisch-Partenkirchen (BY) <i>BY-GAP_FARC</i>	16R	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-MB_TRIN besser erfüllt
Bei Kaufbeuren (BY) <i>BY-KF_KAUF</i>	19R	JA	JA	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-TS_WINK (1001) besser erfüllt
Bei Mindelheim (BY) BY-MN_SALG	24R	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Beim Ammersee (BY) <i>BY-LL_BISC</i>	20R	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-TS_WINK (1001) besser erfüllt
Bei Garmisch-Partenkirchen (BY) <i>BY-GAP_ESCH</i>	17R	JA	JA	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-MB_TRIN besser erfüllt
Bei Lechbruck am See (BY) <i>BY-WM_SAUW</i>	28R	JA	NEIN	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von BY-TS_WINK (1001) besser erfüllt
<i>Helosciadium nodiflorum</i> (Knotenblütiger Sellerie)					
Bei Aachen (NRW) NRW-AA	HnAAC	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Hückelhoven (NRW) NRW-HÜ	HnHUE	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums

Bei Niedersjosbach (HE) <i>HE-NJ</i>	HnEPP	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Friedberg-Ockstadt (HE) <i>HE-OC</i>	HnFRI	JA	NEIN	Herbarbeleg verschimmelt; kleiner, wenig vitaler Bestand; Probleme bei genetischer Analyse	Kriterien für GenEG werden nicht hinreichend erfüllt
Bei Maudach (RLP) <i>RLP-20</i>	HnLUD	JA	JA	großer, vitaler und weit verteilter Bestand	guter Erhaltungszustand; Unterhaltung bereits günstig; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Vorderpfälzer Tiefenland bestmöglich erfüllt
Bienwald (RLP) <i>RLP-24</i>	-	JA	JA	Probleme bei der genetischen Analyse	Datengrundlage unzureichend
Bei Ruitsch (RLP) <i>RLP-1</i>	HnPOL	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Gonsenheim (RLP) <i>RLP-3</i>	HnMAI	JA	JA	großer, vitaler und weit verteilter Bestand	guter Erhaltungszustand; Unterhaltung bereits günstig; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Alzeyer Hügelland bestmöglich erfüllt
Bei Bodenheim (RLP) <i>RLP-5</i>	HnBOD	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von RLP-9, RLP-3 und RLP-7 besser erfüllt
Bei Udert (RLP) <i>RLP-16</i>	HnROD	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Vorkommen mit größter genetischer Differenzierung und genetischer Abweichung zum Komplement
Bei Spiesheim (RLP) <i>RLP-6</i>	-	NEIN	NEIN	Fundort 2016 ohne Wildsellerie	Vorkommen verschollen
Bei Lörzweiler (RLP) <i>RLP-7</i>	HnLOE	JA	JA		repräsentiert die genetische Ausstattung des Komplements am besten; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Alzeyer Hügelland bestmöglich erfüllt
Bei Alsheim (RLP) <i>RLP-9</i>	HnALS	JA	JA	großer, vitaler und weit verteilter Bestand	guter Erhaltungszustand; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Alzeyer Hügelland bestmöglich erfüllt
Bei Erpolzheim (RLP) <i>RLP-10</i>	HnDUE	JA	JA	Probleme bei der genetischen Analyse	Datengrundlage unzureichend
Beim Helmbach (RLP) <i>RLP-11</i>	HnELM	JA	JA	großer und weit verteilter Bestand	guter Erhaltungszustand; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Pfälzerwald bestmöglich erfüllt
Bei Hofstetten (RLP) <i>RLP-W01</i>	HnALB	JA	JA	stabiler, vitaler Bestand	guter Erhaltungszustand; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Pfälzerwald bestmöglich erfüllt
Bei Rinnthal (RLP) <i>RLP-W02</i>	HnRI1	JA	JA	vitaler Bestand	guter Erhaltungszustand; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Pfälzerwald bestmöglich erfüllt
Beim Freischbach-Tal (RLP) <i>RLP-W03</i>	HnWI1	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von RLP-11, RLP-W01, RLP-W02 und RLP-W05a besser erfüllt

Beim Wellbach-Tal (RLP) <i>RLP-W04</i>	HnRI2	JA	JA	geringe Bestandsgröße	Kriterien für GenEG werden nicht hinreichend erfüllt
Beim Freischbach-Tal (RLP) <i>RLP-W05</i>	HnWI3	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von RLP-11, RLP-W01, RLP-W02 und RLP-W05a besser erfüllt
Beim Freischbach-Tal (RLP) <i>RLP-W05a</i>	HnWI2	JA	JA		einziges Vorkommen im Stillgewässer; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Pfälzerwald bestmöglich erfüllt
Beim Queich-Tal (RLP) <i>RLP-W06</i>	-	NEIN	NEIN	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt
Bei Hauenstein (RLP) <i>RLP-W07</i>	HnHAU	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von RLP-11, RLP-W01, RLP-W02 und RLP-W05a besser erfüllt
Bei Niederlustadt (RLP) <i>RLP-W20</i>	-	NEIN	NEIN	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt
Bei Bellheim (RLP) <i>RLP-W21</i>	HnBEL	JA	JA	großer und weit verteilter Bestand	guter Erhaltungszustand; Unterhaltung findet bereits statt; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Vorderpfälzer Tiefland bestmöglich erfüllt
Bei Knittelsheim (RLP) <i>RLP-W22</i>	HnKNI	JA	JA	großer und weit verteilter Bestand	guter Erhaltungszustand; Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums Vorderpfälzer Tiefland bestmöglich erfüllt
Bei Herxheim (RLP) <i>RLP-W23</i>	-	JA	JA	Probleme bei der genetischen Analyse	Datengrundlage unzureichend
<i>Helosciadium inundatum</i> (Flutender Sellerie)					
Bei Jeggau (ST) <i>ST-JEGGA</i>	HiJE	JA	JA		östliches Vorkommen mit erfolgreicher genetischer Analyse
Bei Warendorf (NRW) <i>NRW-WA</i>	HiWA	JA	JA		Bester Vertreter des Naturraums
Bei Ochtrup (NRW) <i>NRW-OC</i>	HiOC	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NRW-WA besser erfüllt
Bei Hitzacker/Elbe (NI) <i>NDS-LV</i>	-	NEIN	JA	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt
Bei Friesoythe (NI) <i>NI-BS</i>	HiBS	JA	JA		Vertreter des Naturraums ist bereist NI-BH aufgrund der Ergebnisse der genetischen Analyse
Bei Oldenburg (NI) <i>NI-BH</i>	HiBH	JA	JA		repräsentiert die genetische Ausstattung des Komplements am besten
Bei Gorleben (NI) <i>NDS-ME</i>	-	NEIN	JA	Fundort 2016 ohne Wildsellerie	Vorkommen verschollen oder Falschangabe
Bei Cloppenburg (NI) <i>NDS-AHT</i>	HiAHT	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-LE besser erfüllt

Bei Wildeshausen (NI) <i>NDS-DÖ</i>	-	NEIN	NEIN	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt
In Cloppenburg. Geest (NI) <i>NI-LE</i>	HiLE	JA	JA		bester Vertreter des Naturraums
Bei Papenburg (NI) <i>NI-BO</i>	HiBO	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-LE besser erfüllt
In Aller-Talsandebene (NI) <i>NDS-EF</i>	HiEF	JA	NEIN	nicht Bestandteil eines Auftrages	Eigentümer unterstützt Einrichtung eines GenEG
Bei Wittingen (NI) <i>NDS-LÜ</i>	HiLUE	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Bei Meppen (NI) <i>NI-DÖ</i>	HiDO	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-HA und NI-DL besser erfüllt
Bei Haselünne (NI) <i>NI-HA</i>	HiHA	JA	JA		gemeinsam mit NI-DL geeigneter Vertreter des Naturraums
Bei Dinklage (NI) <i>NI-DL</i>	HiDL	JA	JA		gemeinsam mit NI-HA geeigneter Vertreter des Naturraums
In Aller-Talsandebene (NI) <i>NDS-HO</i>	HiHO	JA	JA	großer Bestand	guter Erhaltungszustand
Bei Nordhorn-Bentheim (NI) <i>NI-BE</i>	HiBE	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-HA und NI-DL besser erfüllt
Bei Nordhorn-Bentheim (NI) <i>NI-WE</i>	HiWE	Ja	Ja		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-HA und NI-DL besser erfüllt
Bei Emsbüren (NI) <i>NI-KF</i>	HiKF	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NI-HA und NI-DL besser erfüllt
Bei Samerrott (NI) <i>NI-SA</i>	HiSA	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NRW-WA besser erfüllt
Bei Gildehauser Venn (NI) <i>NI-GI</i>	HiGI	JA	JA		Kriterien für GenEG werden innerhalb des Naturraums von NRW-WA besser erfüllt
Auf Amrum (SH) <i>SH-ND</i>	HiAM	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums; Vorkommen mit größter genetischer Differenzierung und genetischer Abweichung zum Komplement
In Bordelumer Heide (SH) <i>SH-SOH</i>	HiSOH	JA	JA		einzigster Vertreter des Naturraums
Auf Hiddensee (MV) <i>MV-NN</i>	-	NEIN	JA	geringe Bestandsgröße	Datengrundlage unzureichend; Kriterien für GenEG nicht erfüllt

¹Die vollständige ID eines Vorkommens besteht zusätzlich aus einer Datum- und Zeitangabe, die sich auf die Präsenzkontrolle bezieht. Die vollständigen IDs sind im Datenportal des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie“ (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) einsehbar.

Anhang VII

55 für die Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete geeignete Wildsellerie-Vorkommen

Die nachfolgende Tabelle informiert über den Stand der Planung und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG) für 55 Wildsellerie-Vorkommen, für die die Einrichtung von GenEG vorgeschlagen wird, sowie über die Anzahl eingerichteter Monitoring-Flächen und die Ex-situ-Erhaltung der Vorkommen. Für **fett** markierte Vorkommen wurde bereits ein GenEG eingerichtet.

Zum Schutz der Vorkommen sind die Fundortangaben mit einer Unschärfe von rund 5 km angegeben.

Abkürzungen: GenEG = Genetisches Erhaltungsgebiet, NSG = Naturschutzgebiet, FFH = Fauna-Flora-Habitat, BBG = Brandenburg, BW = Baden-Württemberg, BY = Bayern, HE = Hessen, MV = Mecklenburg-Vorpommern, NI = Niedersachsen, NRW = Nordrhein-Westfalen, RLP = Rheinland-Pfalz, SH = Schleswig-Holstein, ST = Sachsen-Anhalt

Ort (Bundesland- Kürzel), Kurz-ID*	Fläche für GenEG kartiert	Handlungsempfehlung für GenEG	Anzahl Monitor- ing- Flächen	Akzessionsnummer in der Genbank WEL zur Ex-situ- Erhaltung und Zugang zur genetischen Ressource	Anmerkungen zur Kartierung und Saatgutsammlung in den Jahren 2018 und 2019, Schutzstatus hinsichtlich NSG und FFH-Gebiet, Stand der Einrichtung eines GenEG
<i>Apium graveolens</i> (Echter Sellerie)					
Bei Wolmirstedt (ST)¹ ST-ZIELI	ja	derzeitige Pflege (Mahd) beibehalten, jedoch mit Abräumen des Mahdguts und erst nach der Samenreife	4	NW-3-868-2017	über die Jahre stabiles Vorkommen, in 2018 Trockenschäden; GenEG eingerichtet
Bei Helmstedt (ST) ¹ ST-WALBE	ja	Nutzung oder Pflege nicht erforderlich; Störungseffekt durch Wild beobachten; ggf. populationsverstärkenden Maßnahmen in der Nähe	1	NW-00-0006-2018	kleiner, räumlich begrenzter Bestand an einer Quarz-Halde; Bestand in 2018 beeinträchtigt durch Trockenheit; lokale Akteure bekannt (u. a. Privatpersonen): teilweise Befürwortung der Einrichtung eines GenEG, teilweise keine Rückmeldung
Bei Sülzetal (ST)² ST-SÜLNÖ, ST- SÜLLW	ja	Fortführen der Beweidung auf Weidefläche; behutsame Gewässerunterhaltung entlang des Gewässers mit Zurückdrängen von Konkurrenzarten; Prüfen der Beweidung von Gewässerböschungen; Diversifizierung des Gewässerrandstreifens; Schaffen offener Bodenstellen; Schilfmahd; keine Intensivierung der Nutzung	4	NW-09-0017-2020, NW-09-0018-2020, NW-09-0019-2020, NW-09-0020-2020, NW-09-0021-2020, NW-09-0022-2020, NW-09-0023-2020, NW-09-0024-2020	NSG und FFH-Gebiet; Kartierung und Saatgutsammlung durch Auftragnehmern im Jahr 2019; GenEG eingerichtet

Bei Staßfurt (ST)¹ ST-HECBE, ST-HECSA	ja	Bach (ST-HECBE): Mahd fortsetzen, aber erst nach Samenreife, Mahdgut beräumen, Bodensoden bei Mahd nicht beschädigen, keine vollständige Beräumung des Ufersubstrats, ggf. Saatgut-Übertragung bachaufwärts; Salzstelle (ST-HECSA): Beweidung und anschließende Mahd fortführen jedoch mit Mahdgut-Beräumung und ggf. Auszäunen des Weideviehs während Fruchtbildung, Samenausbreitung in weitere geeignete angrenzende Bereiche	ST-HECBE: 4 ST-HECSA: 3	NW-3-869-2017	NSG und FFH-Gebiet (nur Teilvorkommen ST-HECSA); Saatgutsammlung bisher nur im Teilvorkommen ST-HECBE; Bestandsschwankung bei ST-HECSA vermutlich durch Trockenheit; GenEG für Teilvorkommen ST-HECSA eingerichtet
Bei Querfurt (ST) ¹ ST-ROSSL	ja	Mahd einiger Abschnitte fortsetzen, 2. Mahd-Termin nach Samenreife ergänzen; Bestandsentwicklung des konkurrierenden Röhrichts beobachten	2	NW-00-0007-2018, NW-00-0008-2018, NW-00-0009-2018	Lokale Akteure teilweise bekannt: Information noch nicht abgeschlossen
Bei Paderborn (NRW) NRW-SK	-	-	-	NW-00-0011-2018	NSG und FFH-Gebiet; Lokale Akteure bekannt (u. a. Privatpersonen); Keine Kartierung, da Einrichtung eines GenEG nicht befürwortet wird.
Bei Nidda (HE)³ HE-BS	ja	Fortsetzen der regelmäßigen Mahd mit Mahdgut-Beräumung; keine Düngung; Ausbringen von Saatgut (z. B. durch Mahdgut-Übertragung) oder von Jungpflanzen in Migrationsfläche	3	NW-09-0047-2020	Vorkommen ist bereits im Fokus der Gemeinde; GenEG eingerichtet
Bei Hildesheim (NI) NI-HI	-	-	-	-	lokale Akteure teilweise bekannt: empfehlen Einrichtung eines GenEG eher für ein benachbartes Vorkommen – Planung und Saatgutsammlung findet erst nach Prüfung und Entscheidung statt, welches Vorkommen als GenEG besser geeignet ist
Bei Schöningen (NI) ⁴ NDS-JX	ja	Randbereiche der Salzwiese mähen mit Beräumung des Mahdguts sowie Schaffen offener Bodenstellen; Beobachten der Störungen durch Wild; Vermeiden von Eintrag gebietsfremder Diasporen sowie von invasiven Arten; Reduzieren von Gehölz-Aufwuchs; Untersuchung der Bodenhydrologie und der Stoffeinträge	2	NW-00-0017-2018/1, NW-00-0017-2018/2, NW-00-0017-2018/3, NW-00-0017-2018/4, NW-00-0017-2018/5, NW-00-0017-2018/6, NW-00-0017-2018/7, NW-09-0001-2020, NW-09-0002-2020	NSG und FFH-Gebiet; lokale Akteure bekannt und informiert (u. a. Privatpersonen); einige Akteure befürworten Einrichtung eines GenEG

Bei Heiligenhafen (SH) ⁵ <i>SH-EICH</i>	ja	Extensive Beweidung, wo natürliche Störungen nicht ausreichen; bei Dauerbeweidung abschnittsweises auszäunen; Röhrichte mit mehrjährigem Abstand extensiv beweiden	4	NW-00-0014-2018, NW-00-0016-2018	FFH-Gebiet; lokale Akteure bekannt: Information noch nicht abgeschlossen
In Nuthe-Notte-Niederung (BBG) <i>Bbg-JÜ</i>	ja (noch nicht übermittelt)	Ja (noch nicht übermittelt)	Ja (noch nicht übermittelt)	Ja (Saatgut noch nicht übermittelt)	NSG und FFH-Gebiet; Planungen und Saatgutsammlung ohne Auftrag im Rahmen der Arbeiten der örtlichen Naturwacht; lokale Akteure bekannt (u. a. Privatpersonen): teilweise ohne Rückmeldung
Halbinsel Wustrow (MV) ⁶ <i>MV-Wu</i>	ja	natürliche Dynamik ist ausreichend (keine Maßnahmen erforderlich)	4	NW-09-0046-2020	NSG und FFH-Gebiet; Vorkommen ist schwer zugänglich; lokale Akteure noch nicht abschließend identifiziert
Bei Greifswald (MV) ⁶ <i>MV-G</i>	ja	Beobachtung des Bestandes; vorerst keine Maßnahmen erforderlich	2	-	FFH-Gebiet; Bestand bei Begehung ohne blühende und fruchtende Exemplare; lokale Akteure bekannt: Information noch nicht abgeschlossen
Beim Dassower See (MV) <i>MV-DSZ</i>	-	-	-	-	NSG und FFH-Gebiet; keine Einigung mit potentiellen Auftragnehmern; lokale Akteure noch nicht abschließend identifiziert
Bei Ubstadt-Weiher (BW) <i>BW-UB</i>	ja	behutsame Mahd fortsetzen	-	-	Naturdenkmal; Vorkommen bereits im Fokus der lokalen Akteure; auf die Kartierung vor Ort und Saatgutsammlung wurde vorerst verzichtet, um das Bestand-schwache Vorkommen nicht zusätzlich zu beeinträchtigen; Planungen des GenEG anhand bereits bekannter Informationen – Überprüfung im Rahmen des Monitoring wird empfohlen; GenEG eingerichtet
<i>Helosciadium repens (Kriechender Sellerie)</i>					
Bei Kraatz (ST) ¹ <i>ST-KRAAT</i>	ja	Ausbringen von Saatgut auf offenen Bodenstellen als populationsverstärkende Maßnahme	1	NW-00-0010-2018/1, NW-00-0010-2018/2, NW-00-0010-2018/3, NW-00-0010-2018/4, NW-00-0010-2018/5, NW-00-0010-2018/6	FFH-Gebiet; 2018 Bestand durch Trockenheit beeinträchtigt; Schwankungen der Lage der Wuchsfäche; nur wenig Saatgut gesammelt, da Fruchtstände abgefressen und abgemäht; lokale Akteure bekannt (u. a. Privatpersonen): teilweise ohne Rückmeldung
Bei Paderborn (NRW) <i>NRW-DB</i>	-	-	-	-	NSG und FFH-Gebiet; Vorkommen bereits im Fokus des Artenschutzes; keine Kartierung und Saatgutsammlung, weil Einrichtung eines GenEG von lokalen Akteuren nicht befürwortet wird

Bei Dümmer (NI) ⁷ <i>NI-OM</i>	ja	Fortführen der Beweidung mit Ziegen; Bestandskontrollen	3	NW-09-0025-2020, NW-09-0026-2020, NW-09-0027-2020, NW-09-0028-2020, NW-09-0029-2020, NW-09-0030-2020, NW-09-0031-2020, NW-09-0032-2020, NW-09-0033-2020, NW-09-0034-2020, NW-09-0035-2020, NW-09-0036-2020, NW-09-0037-2020, NW-09-0038-2020, NW-09-0039-2020, NW-09-0040-2020, NW-09-0041-2020, NW-09-0042-2020, NW-09-0043-2020	NSG und FFH-Gebiet; das Vorkommen befindet sich bereits im Fokus des Artenschutzes; aufgrund der geringen Menge reifen Saatguts wurde die Sammlung im Jahr 2019 fortgesetzt; lokale Akteure sind identifiziert; Kommunikation noch nicht abgeschlossen; Einrichtung eines GenEG wird überwiegend befürwortet
Bei Lütjenburg (SH) ⁵ <i>SH-TIV</i>	ja	Fortführen der bestehenden Erhaltungsmaßnahmen	4	NW-00-0013-2018, NW-00-0015-2018	FFH-Gebiet; wiederangesiedeltes Vorkommen bereits im Fokus des Artenschutzes; lokale Akteure bekannt: Information noch nicht abgeschlossen
Bei Rathenow (BBG) ⁸ <i>Bbg-SE</i>	ja	Mahd fortsetzen, jedoch ggf. weniger häufig und mit Abräumen des Mahdguts	3	NW-09-0014-2020, NW-09-0015-2020, NW-09-0016-2020	Saatguternte wegen Mahd erst im Jahr 2019 möglich; GenEG eingerichtet
Bei Schwielochsee (BBG) ¹ <i>Bbg-JE</i>	ja	häufige Mahd beibehalten; ggf. Maßnahmen zur Förderung der generativen Fortpflanzung (z. B. wechselnde Teilflächen weniger häufig oder weniger kurz mähen)	4	NW-09-0003-2020, NW-09-0004-2020, NW-09-0005-2020, NW-09-0006-2020, NW-09-0007-2020, NW-09-0008-2020	FFH-Gebiet: kaum Fruchtstände durch sehr kurze Mahd und starken Tritt; lokale Akteure teilweise bekannt: Information noch nicht abgeschlossen
Bei der Müritz (MV) ⁹ <i>MV-GS</i>	ja	Fortsetzen der extensiven Nutzung (Beweidung, auch der Uferbereiche und Flachwasserzonen); Aufrechterhaltung der Wasserstände	4	NW-00-0019-2018/1, NW-00-0019-2018/2	NSG und FFH-Gebiet; Vorkommen bereits im Fokus des regionalen Artenschutzes; GenEG eingerichtet
Beim Malchower See (MV) <i>MV-DS</i>	-	-	-	-	NSG und FFH-Gebiet; keine Planung und Saatgutsammlung weil Vorkommen ggf. verschollen; lokale Akteure teilweise bekannt: empfehlen Einrichtung eines GenEG eher für ein benachbartes Vorkommen – Prüfung erforderlich

Bei Demmin (MV) ⁶ MV-GC	ja	Fortsetzung der Nutzung als Liegewiese und Schurrasen	3	NW-09-0044-2020, NW-09-0045-2020	lokale Akteure bekannt: teilweise wird Einrichtung eines GenEG befürwortet
Beim Chiemsee (BY)¹⁰ BY-TS_WINK (1001)	ja	Fortsetzen der aktuellen Nutzung (Beweidung und Mahd), keine Intensivierung	4	-	teilweise NSG und FFH-Gebiet; in 2018 und 2019 keine Fruchtstände durch Weidevieh-Fraß und Trockenheit; GenEG eingerichtet
Bei Regensburg (BY) BY-KEH_NIED	-	-	-	-	teilweise NSG und FFH-Gebiet; lokale Akteure bekannt: empfehlen Einrichtung eines GenEG eher für ein benachbartes Vorkommen – Planung und Saatgutsammlung erst nach Prüfung und Entscheidung welches Vorkommen als GenEG besser geeignet ist
Bei Reit im Winkl (BY) ¹⁰ BY-TS_WINK (1014)	ja	Fortsetzen der aktuellen Nutzung (Beweidung und Nutzung als Skipiste), keine Intensivierung	4	NW-09-0011-2020	Saatgutsammlung aufgrund von Weidevieh-Fraß und Trockenheit erst in 2019 möglich; lokale Akteure bekannt: Einrichtung eines GenEG wird nicht befürwortet
Beim Tegernsee (BY)¹¹ BY-MB_TRIN	ja	Fortführen der extensiven Beweidung mit regelmäßigen Schwenden, Gehölz-Pflege in den Uferstreifen am Quellbach; Vermeidung von Eutrophierung	4	voraussichtlich 2020	FFH-Gebiet; Kartierung und Besammlung erst nach Zustimmung der Eigentümergemeinschaft im Jahr 2019; i.d.R. keine Saatgutproduktion im aquatischen Vorkommen: Entnahme von Lebend-Exemplaren in 2019 zur Saatgutareife unter terrestrischen Bedingungen ex-situ; GenEG eingerichtet
Bei Mindelheim (BY)¹² BY-MN_SALG	ja	behutsame und abschnittsweise Beräumung des Bachs; Offenhalten der Ufer (Mahd); Beobachten der Sohlverkrautung und der Biberaktivitäten	3	voraussichtlich 2020	i.d.R. keine Saatgutproduktion im aquatischen Vorkommen: Entnahme von Lebend-Exemplaren in 2019 zur Saatgutareife unter terrestrischen Bedingungen ex-situ; GenEG eingerichtet
<i>Helosciadium nodiflorum</i> (Knotenblütiger Sellerie)					
Bei Aachen (NRW) ¹³ NRW-AA	ja	abschnittsweise regelmäßiger Rückschnitt von Gehölzen; Fortführen/Wiederaufnahme der extensiven Beweidung der angrenzenden Grünflächen; Verzicht auf Düngen; Mulchen der Zufluss-Böschung	2	NW-00-0018-2018/1, NW-00-0018-2018/2	Gesetzlich geschütztes Biotop; Vorkommen befindet sich teils in der Niederlande; Aufgrund eines künftigen Eigentümerwechsels sind Nutzungsänderungen zu erwarten; bisherige lokale Akteure sind bekannt und informiert: teilweise ohne Rückmeldung
Bei Hückelhoven (NRW) NRW-HÜ	-	-	-	-	Kartierung und Saatgutsammlung im Jahr 2018 misslang aufgrund einer intensiven Mahd zur Begehungstermin; im Jahr 2019 kein Auftragnehmer für Planung und Saatgutsammlung; lokale Akteure bekannt (u. a. Privatpersonen): Information noch nicht abgeschlossen

Bei Niedersjosbach (HE) HE-NJ	-	-	-	-	Das Projektteam stellte bei einer Begehung im Jahr 2018 einen starken Zusammenbruch des Vorkommens fest, weswegen vorerst auf die Kartierung verzichtet wurde; lokale Akteure noch nicht bekannt
Bei Maudach (RLP) ¹⁴ RLP-20	ja	Gehölze zurückschneiden oder entfernen; Mahd der Graben-begleitenden Grünflächen; Gärtnerische Anpflanzungen entfernen	1	-	Vorkommen bei Feldarbeit ohne Fruchtstände; lokale Akteure informiert und befürworten GenEG
Bei Ruitsch (RLP) RLP-1	-	-	-	-	NSG und FFH-Gebiet; keine Kartierung und Saatgut-sammlung, weil Abschluss einer Kooperationsvereinbarung von lokalen Akteuren nicht befürwortet wurde; durch die Anpassung der Rahmenbedingungen (nun unverbindliche Erklärungen) sollen Verhandlungen wieder aufgenommen werden
Bei Gonsenheim (RLP) ¹⁴ RLP-3	ja	<i>Phalaris arundinacea</i> alle 2 Jahre, nitrophile Krautbestände jährlich mähen	3	Saatgut vorhanden; Vergabe der Akzessionsnr. in Vorbereitung	Flurstücke identifiziert; Akteure noch nicht bekannt
Bei Udert (RLP) ¹⁴ RLP-16	ja	Extensivierung der Uferbeweidung; Böschungabschnitte ohne Beweidung offenhalten und mähen	2	-	Vorkommen bei Feldarbeit ohne Fruchtstände; lokale Akteure identifiziert: Kontaktaufnahme und Information noch nicht abgeschlossen
Bei Lörzweiler (RLP) ¹⁴ RLP-7	ja	jährliche Mahd	1	Saatgut vorhanden; Vergabe der Akzessionsnr. in Vorbereitung	Flurstücke identifiziert; örtliche Naturschutz-Akteure informiert: Einrichtung eines GenEG wird nicht empfohlen, da es sich um eine Renaturierungsfläche handelt, bei der das Entwicklungsziel nicht mit den Habitat-Ansprüchen von <i>H. nodiflorum</i> vereinbar ist
Bei Alsheim (RLP) ¹⁴ RLP-9	ja	Gehölze zurückschneiden und entfernen; Grünland mähen; Röhricht zurückschneiden	1	-	Vorkommen bei Feldarbeit ohne Fruchtstände; Flurstücke identifiziert; örtliche Naturschutz-Akteure informiert
Beim Helmbach (RLP) ¹⁴ RLP-11	ja	Angrenzende Flächen offen halten durch Mahd	2	Saatgut vorhanden; Vergabe der Akzessionsnr. in Vorbereitung	Flurstücke identifiziert; örtliche Naturschutz-Akteure informiert
Bei Hofstetten (RLP) ¹⁹ RLP-W01	ja	natürliche Dynamik des naturnahen Quellbachs ist ausreichend; Beibehalten der extensiven forstlichen Nutzung der angrenzenden Flächen	-	-	zentrale Flurstücke bekannt; örtliche Naturschutz-Akteure informiert
Bei Rinthal (RLP) ¹⁴ RLP-W02	ja	Offenhalten des Gewässers und der angrenzenden Bereiche durch Mahd oder extensive Beweidung	1	Saatgut vorhanden; Vergabe der Akzessionsnr. in Vorbereitung	FFH-Gebiet; Flurstücke identifiziert; örtliche Naturschutz-Akteure informiert

Beim Freischbach-Tal (RLP) ¹⁴ <i>RLP-W05a</i>	ja	Fortführen der extensiven Nutzung als Angelgewässer	2	-	FFH-Gebiet; Vorkommen bei Feldarbeit ohne Fruchtstände; Flurstücke identifiziert; aufgrund eines möglichen Besitzerwechsels sind Nutzungsänderungen zu erwarten; örtliche Naturschutz-Akteure informiert
Bei Bellheim (RLP) ¹⁴ <i>RLP-W21</i>	ja	nitrophile Grabenränder jährlich mähen	3	Saatgut vorhanden; Vergabe der Akzessionsnr. in Vorbereitung	FFH-Gebiet; lokale Akteure identifiziert: Kommunikation nicht abgeschlossen; Vorkommen wird bei Aktualisierung des Gewässerpflegeplan berücksichtigt werden
Bei Knittelsheim (RLP) ¹⁴ <i>RLP-W22</i>	ja	<i>Phalaris arundinacea</i> und weiteres angrenzende Grünflächen jährlich mähen; Krautbestände alle 2 Jahre mähen; Gehölz-Aufwuchs und gärtnerische Anpflanzungen entfernen	2	Saatgut vorhanden; Vergabe der Akzessionsnr. in Vorbereitung	lokale Akteure identifiziert: Kommunikation nicht abgeschlossen; Vorkommen wird bei Aktualisierung des Gewässerpflegeplan berücksichtigt werden
<i>Helosciadium inundatum</i> (Flutender Sellerie)					
Bei Jeggau (ST) ¹ <i>ST-JEGGA</i>	ja	regelmäßige Kontrolle des Standorts ggf. Wiederansiedlung (z. B. durch Materialübertragung); Grabenreinigung nur an Stellen ohne Bestand	2	-	NSG und FFH-Gebiet; Bestand wegen Grabenentschlammung in 2018 und 2019 verschollen, in 2020 wiedergefunden; in der Umgebung in 2019 Einzelexemplare festgestellt (siehe auch Krumbiegel 2019); einige lokale Akteure bekannt und informiert
Bei Warendorf (NRW)¹⁵ <i>NRW-WA</i>	ja	Fortführen der Biotoppflege (Mahd mit Abräumen des Mahdguts, Entkusselung), ggf. ergänzt durch Beweidung; Extensivierung der angrenzenden Flächennutzung	4	NW-09-0012-2020, NW-09-0013-2020	NSG; Pflege- und Entwicklungsplan der Naturschutzstation fördert den Bestand und wird bereits umgesetzt; Saatgutsammlung war aufgrund der Trockenheit im Jahr 2018 erst in 2019 möglich; GenEG eingerichtet
Bei Oldenburg (NI)¹⁶ <i>NI-BH</i>	ja	ggf. abschnittsweise Gehölzentfernung im Uferbereich; im Abstand mehrerer Jahre abschnittsweise Entschlammung; Kontrolle der Ausbreitung von <i>Impatiens glandulifera</i>	3	-	NSG und FFH-Gebiet; Identifikation eines geeigneten Auftragnehmers erst im Jahr 2019; in 2019 ohne Fruchtstände; GenEG eingerichtet
In Cloppenburg. Geest (NI) <i>NI-LE</i>	-	-	-	-	keinen geeigneten Auftragnehmer identifiziert; lokaler Akteur stellt ehrenamtliche Planung und Saatgutsammlung in Aussicht; lokale Akteure bekannt und informiert (u. a. Privatpersonen): teilweise ohne Rückmeldung
In Allertalsandebene (NI)¹⁷ <i>NDS-EF</i>	ja	Roden des nahen Baumbestandes um Windangriff auf Wasserfläche zu erhöhen und dadurch Umverteilung der Schlammablagerungen zu bewirken; abschnittsweise Abschieben der Vegetationsschicht	4	-	FFH-Gebiet; derzeit Planungen zur Einrichtung eines NSG; in 2018 und 2019 aufgrund der Trockenheit keine Fruchtstände; GenEG eingerichtet
Bei Wittingen (NI)¹ <i>NDS-LÜ</i>	ja	Böschungsmahd, ggf. Entschlammung des Grabens ohne Beeinträchtigung des Bestandes; Reduktion von Nährstoffeinträgen	2	NW-09-0009-2020	in 2018 aufgrund der Trockenheit kein Bestand, in 2019 mit zunehmender Trockenheit Bestandsrückgang; nur wenig Saatgut entnommen; GenEG eingerichtet

Bei Haselünne (NI) <i>NI-HA</i>	-	-	-	-	NSG und FFH-Gebiet; keine geeigneten Auftragnehmer für Planung und Saatgutsammlung identifiziert; lokale Akteure nur teilweise identifiziert
Bei Dinklage (NI)¹⁸ <i>NI-DL</i>	ja	<i>Senecio jacobaea</i> entfernen; Bestandsentwicklung von <i>H. inundatum</i> und dem ggf. konkurrierenden Röhricht sowie von Nährstoffeinträgen kontrollieren; Fläche offen halten	-	-	Vorkommen konnte aufgrund der Trockenheit im Jahr 2018 nicht erfasst werden; kein Abschluss eines Auftrags für Planungen und Saatgutsammlung im Jahr 2019; Planungen zum GenEG basieren auf den bereits bekannten Daten und sind nachzuprüfen im Rahmen des Monitoring; GenEG eingerichtet im Ausweisungsverfahren als FFH-Gebiet; kein geeigneter Auftragnehmer für Planung und Saatgutsammlung identifiziert; lokale Akteure teilweise bekannt (u. a. Privatpersonen); Einrichtung eines GenEG wird für einen Teilbereich eher nicht befürwortet
In Allertalsandebene (NI) <i>NDS-HO</i>	-	-	-	-	aufgrund der Trockenheit im Jahr 2018 war die Saatgutsammlung erst in 2019 möglich; keine Einrichtung einer Monitoring-Fläche aufgrund der Trockenheit; lokale Akteure (u. a. Privatpersonen): informiert
Auf Amrum (SH) ¹⁹ <i>SH-ND</i>	ja	Kontrolle des Bestandes alle 2 Jahre; ggf. Anlage weiterer flacher Gewässer in der Umgebung mit Ansiedlung von <i>H. inundatum</i> zur Vergrößerung der Population	-	NW-09-0010-2020	kein Abschluss eines Auftrages für Monitoring und Saatgutentnahme; lokale Akteure bekannt (u. a. Privatpersonen) und informiert; Kommunikation und Abstimmung bisher nur eingeschränkt; ggf. keine Befürwortung der Einrichtung eines GenEG
In Bordelumer Heide (SH) ⁵ <i>SH-SOH</i>	ja	Kontrolle des Bestandes alle 2 Jahre; ggf. Anlage weiterer flacher Gewässer in der Umgebung mit Ansiedlung von <i>H. inundatum</i> zur Vergrößerung der Population; Reduzierung von Nährstoffeinträgen der angrenzenden Äcker; behutsame Gewässerunterhaltung; abschnittsweises Abflachen des Ufers	-	-	

*Die vollständige ID eines Vorkommens besteht zusätzlich aus einer Datum- und Zeitangabe, die sich auf die Präsenzkontrolle bezieht. Die vollständigen IDs sind im Datenportal des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie“ (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) einsehbar.

Handlungsempfehlung zu GenEG aufgrund pers. Mitt. von ¹A. Krumbiegel 2018, 2019; ²M. Haase, S. Ritter, A. Birger 2019; ³V. Wagner, A. Hannapel, W. Wagner 2019; ⁴M. Neßmann 2019; ⁵C. Martin, H. Grell, R. Borchering 2019; ⁶H. Ringel 2019; ⁷F. Apffelstaedt 2019; ⁸R. Riep, T. Wachowiak 2019; ⁹M. John, W. Hahne 2019; ¹⁰M. Sichler 2019; ¹¹B. Krogoll 2019; ¹²J. Franke 2019; ¹³J. Lüdemann 2018; ¹⁴J. Mazomeit 2019; ¹⁵T. Hövelmann, H. Vandenbrouke, H. Lübken 2018; ¹⁶B. Ziesmer; ¹⁷B. Blanke 2019; ¹⁸T. Herden 2016; ¹⁹C. Weingart 2016

Weitere Literatur: Krumbiegel, A., 2019. Bestandsentwicklung von *Helosciadium inundatum* (L.) W. D. J. Koch im Jeggauer Moor zwischen 2000 und 2019. Mitt. florist. Kart. Sachsen-Anhalt, Mitteilungen zur floristischen Kartierung in Sachsen-Anhalt 24, 37–45

Anhang VIII

Muster der Einverständniserklärung des Flächeneigentümers und/oder – bewirtschafters und Erklärung zur Unterstützung



Genetische
Erhaltungsgebiete
Wildsellerie



Netzwerk Genetische
Erhaltungsgebiete
Deutschland

Einverständniserklärung zur Einrichtung und zum Management des „genetischen Erhaltungsgebiets für [wissenschaftlicher Artname] bei [Ortsangabe]“ als Bestandteil des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie

von

[Name, Anschrift]

sofern zutreffend: vertreten durch [Name]

als Eigentümer/in des/der Flurstücks/e Gemarkung [Name], Flur [Nr.], Flurstück [Nr.]

Die **Fachstelle Wildsellerie** am Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg plant die Einrichtung **genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG)** zur Erhaltung von Wildpflanzenarten für Ernährung und Landwirtschaft. Diese Erklärung ist eine Voraussetzung für die Einrichtung eines GenEGs für [deutscher Artname] (wissenschaftlicher Artname) bei [Ortsangabe] auf dem/n oben bezeichneten Flurstück/en.

Mit der Unterzeichnung dieses Dokumentes erklärt der Unterzeichner sein Einverständnis zu Folgendem:

(a) Im Rahmen des GenEG-Managements dürfen die Vertreter der Fachstelle Wildsellerie zur Erfüllung ihrer Aufgaben das/die genannte/n Flurstück/e für die Datenerfassung, Monitoring, Materialentnahme und Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen betreten. Vor Beginn der jeweiligen Aktivitäten auf dem/den genannten Flurstück/en informiert die Fachstelle Wildsellerie den Unterzeichner über die geplante Begehung und stimmt sich mit diesem ab. Erforderliche Genehmigungen der Naturschutzbehörde sind einzuholen.

b) Saatgut von [deutscher Artname] darf nach Maßgabe des Naturschutzrechts auf der Fläche gesammelt, in der Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) bei der Universität Osnabrück eingelagert und von dieser zu SMTA-Bedingungen¹ zum Zwecke der Ausbildung, Forschung, Erhaltung und Züchtung sowie zum Wissenstransfer an Dritte abgegeben werden.

(c) Die Fachstelle Wildsellerie darf meine personenbezogenen Daten für die Dauer der Gültigkeit dieser Einverständniserklärung verarbeiten. Meine Daten (Name, Anschrift, Art des Flächenbezugs, Flurstück-Nr.) werden im Rahmen der Bestimmungen des Bundesdatenschutzgesetzes von der Fachstelle Wildsellerie verarbeitet und nur für die Kontaktaufnahme mit mir im Rahmen

¹ SMTA = Standard-Materialübertragungsvereinbarung des Internationalen Vertrags über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Weitere Informationen unter <https://www.genres.de/internationales/internationaler-saatgutvertrag/>

von GenEG-Aktivitäten verwendet. Meine personenbezogenen Daten werden nicht an Dritte weitergegeben. Das Einverständnis zur Nutzung meiner personenbezogenen Daten kann jederzeit mit Wirkung für die Zukunft schriftlich widerrufen werden. Unberührt von diesem Widerruf bleiben gesetzliche Rechtsgrundlagen, wie z.B. die Verarbeitung von personenbezogenen Daten im öffentlichen Interesse (Art. 6 Abs. 1 (e) DSGVO) und für Forschungszwecke (Art. 89 DSGVO).

(d) Die Fachstelle Wildsellerie darf fachliche Informationen zum GenEG an Dritte weitergeben. Die Fachstelle Wildsellerie berücksichtigt hierbei eventuelle Auflagen des Unterzeichners, welche der dauerhaften Nutzung der erhobenen Daten jedoch nicht entgegenstehen dürfen.

Diese Einverständniserklärung ist freiwillig, jedoch für die Fachstelle Wildsellerie zwingend erforderlich für die Einrichtung eines GenEGs auf dem/den genannten Flurstück/en. Die Einverständniserklärung kann jederzeit mit Wirkung für die Zukunft schriftlich widerrufen werden.

Ort	Datum	Unterschrift
-----	-------	--------------

Hinweis: Die Fachstelle Wildsellerie am JKI ist Hinterlegungsstelle dieser Erklärung. Sie, die Partner des GenEG-Verbundes sowie die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt erhalten eine Kopie des unterzeichneten Dokumentes.

Anlage zum Verbleib beim Unterzeichner:

Datenschutzerklärung des Julius Kühn-Instituts (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen im Rahmen der Einholung von Einwilligungen in die Verarbeitung personenbezogener Daten.

Kontaktadresse der Fachstelle Wildsellerie am JKI:



Julius Kühn-Institut
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen
Erwin-Baur-Str. 27
06484 Quedlinburg
E-Mail: fachstelle.wildsellerie@julius-kuehn.de

Hiermit erkläre ich im Rahmen meiner Möglichkeiten die Durchführung von Maßnahmen, die für die langfristige Erhaltung des Vorkommens geeignet sind, zu unterstützen. Dazu können zum Beispiel die Übermittlung von Informationen zu aktuellen Planungen vor Ort und zur Bestandsentwicklung des Vorkommens, die Unterstützung der Organisation und Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen und/oder die Beteiligung an der Ausarbeitung/Fortschreibung standortspezifischer Managementpläne zählen.

Im Falle einer Unterstützung wird in Anerkennung des Engagements zur Erhaltung von [deutscher Artname] eine Urkunde durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) verliehen.

Ort	Datum	Unterschrift
-----	-------	--------------



Beiblatt

zur Einverständniserklärung zur Einrichtung und zum Management des „genetischen Erhaltungsgebiets für [wissenschaftlicher Artname] bei [Ortsangabe]“ als Bestandteil des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie“

Die **Fachstelle Wildsellerie** am Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg plant die Einrichtung **genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG)** zur Erhaltung der innerartlichen genetischen Vielfalt von Wildpflanzenarten für Ernährung und Landwirtschaft. Das Wildsellerie-Vorkommen bei [Ortsangabe] zeichnet sich durch eine besondere genetische Zusammensetzung aus und leistet deshalb einen wichtigen Beitrag zur Erhaltung der genetischen Vielfalt des [deutscher Artname] (*wissenschaftlicher Artname*).

Erklärung

des/von

[Name, Anschrift]

sofern zutreffend: vertreten durch Name

Hiermit erkläre ich folgendes:

(a) Im Rahmen meiner Möglichkeiten unterstütze ich die Durchführung von Maßnahmen auf dem/n Flurstück/en Gemarkung [Name], Flur [Nr.], Flurstücke [Nr.], das/die für die langfristige Erhaltung des Vorkommens geeignet ist/sind. Dazu können zum Beispiel die Übermittlung von Informationen zu aktuellen Planungen vor Ort und zur Bestandsentwicklung des Vorkommens, die Unterstützung der Organisation und Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen und/oder die Beteiligung an der Ausarbeitung/Fortschreibung standortspezifischer Managementpläne zählen.

(b) Die Fachstelle Wildsellerie darf meine personenbezogenen Daten für die Dauer der Gültigkeit dieser Einverständniserklärung verarbeiten. Meine Daten (Name, Anschrift, Art des Flächenbezugs, Flurstück-Nr.) werden im Rahmen der Bestimmungen des Bundesdatenschutzgesetzes von der Fachstelle Wildsellerie verarbeitet und nur für die Kontaktaufnahme mit mir im Rahmen von GenEG-Aktivitäten verwendet. Meine personenbezogenen Daten werden nicht an Dritte weitergegeben. Das Einverständnis zur Nutzung meiner personenbezogenen Daten kann jederzeit mit Wirkung für die Zukunft schriftlich widerrufen werden. Unberührt von diesem Widerruf bleiben gesetzliche Rechtsgrundlagen, wie z.B. die Verarbeitung von personenbezogenen Daten im öffentlichen Interesse (Art. 6 Abs. 1 (e) DSGVO) und für Forschungszwecke (Art. 89 DSGVO).

(c) Die Fachstelle Wildsellerie darf fachliche Informationen zum GenEG an Dritte weitergeben. Die Fachstelle Wildsellerie berücksichtigt hierbei eventuelle Auflagen des Unterzeichners, welche der dauerhaften Nutzung der erhobenen Daten jedoch nicht entgegenstehen dürfen.

Diese Erklärung ist freiwillig und kann jederzeit mit Wirkung für die Zukunft schriftlich widerrufen werden.

Ort

Datum

Unterschrift

Hinweis: Die Fachstelle Wildsellerie am JKI ist Hinterlegungsstelle dieser Erklärung. Sie, die Partner des GenEG-Verbundes sowie die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt erhalten eine Kopie des unterzeichneten Dokumentes. In Anerkennung des Engagements zur Erhaltung von [deutscher Artnamen] wird eine Urkunde durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) verliehen.

Anlage zum Verbleib beim Unterzeichner:

Datenschutzerklärung des Julius Kühn-Instituts (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen im Rahmen der Einholung von Einwilligungen in die Verarbeitung personenbezogener Daten.

Kontaktadresse der Fachstelle Wildsellerie am JKI:



Julius Kühn-Institut
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen
Erwin-Baur-Str. 27
06484 Quedlinburg
E-Mail: fachstelle.wildsellerie@julius-kuehn.de

Anhang IX

Liste der Deskriptoren für die Datenübermittlung an die Koordinationsstelle des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“

Die in Tabelle 1 gelisteten Deskriptoren beschreiben die Daten, die in den genetischen Erhaltungsgebieten erhoben werden sollten und über die Fachstelle an die Koordinationsstelle weitergeleitet werden. Bei der Weitergabe der Daten berücksichtigt die Fachstelle eventuelle Auflagen der lokalen Akteure und ggf. weiterer zuständiger Institutionen. Die Daten dienen der Koordinationsstelle zur Dokumentation des Gesamtbestandes der genetischen Erhaltungsgebiete in Deutschland in PGRDEU und der Erfüllung nationaler und internationaler Berichtspflichten über die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft in Deutschland. Wenn naturschutzfachliche Gründe gegen eine punktgenaue Georeferenzierung einer Population in PGRDEU vorliegen sollten, kann eine entsprechende Messunschärfe eingefügt werden.

Die als Pflichtangabe gekennzeichneten Deskriptoren beschreiben das Minimum an Datenfeldern, die die Koordinationsstelle benötigt, um einen Eintrag in PGRDEU vorzunehmen.

Tab. 1: Deskriptoren für die Dokumentation der Zielarten und Erhaltungsgebiete im Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland. Fettgedruckte Deskriptoren entsprechen den FAO/Bioversity Multi-Crop Passport Descriptors V.2.1 (MCPD)

Nr.	Deskriptor	Beschreibung Deskriptor
Taxonomische Deskriptoren		
1	GENUS	Gattungsname (Pflichtangabe) Wissenschaftlicher Name der Gattung. Beispiel: <i>Apium</i>
2	SPECIES	Artnamen (Pflichtangabe) Beiwort für die Art im wissenschaftlichen Namen. Beispiel: <i>graveolens</i> Die Abkürzung sp. ist erlaubt.
3	SPAUTHOR	Autor des Artnamens Name(n) des/der für den Artnamen verantwortlichen Autors/Autoren; Schreibweise nach Brummitt & Powell (Autoren von „Plant Names“, Kew 1992). Quelle: http://www.ipni.org/index.html Beispiel: L.
4	SUBTAXA	Intraspezifische Angaben Taxonomische Angaben unterhalb des Artniveaus, in wissenschaftlichen Angaben. Folgende Abkürzungen sind erlaubt: subsp. (Unterart), convar. (Convarietät), var. (Varietät) und f. (Form).
5	SUBTAUTHOR	Autor für die intraspezifischen Angaben Name(n) des/der für die Bezeichnung der niedrigsten taxonomischen Stufe verantwortlichen Autors/Autoren.
6	CROPNAME	Volksnamen Es können mehrere mit Semikolon (ohne Leerstelle danach!) getrennte Namen aufgelistet werden. Beispiele: Untergetauchter Sumpfschirm; Wildrebe
Deskriptoren zur Beschreibung der Population		
7	POPID	Identifikationsnummer der Population (Pflichtangabe) Eindeutige Nummer für die Population, die von dem Institut oder der Person vergeben wird, die die WEL-Art am Naturstandort nachgewiesen hat.
8	VITALITY	Vitalität des Vorkommens 1 Gesund 2 Beeinträchtigt 3 Stark beeinträchtigt
9	SIZE	Geschätzte Fläche in m², die von der Population besiedelt wird.
10	NUMBER	Anzahl der Individuen (Schätzung)
11	MALE	Anzahl der männlichen Individuen in der Population.

		In nicht-zweihäusigen Populationen Deskriptoren 13 und 14 verwenden.
12	FEMALE	Anzahl der weiblichen Individuen in der Population. In nicht-zweihäusigen Populationen Deskriptoren 13 und 14 verwenden.
13	MATURE	Anzahl reifer Individuen in der Population
14	JUVENILE	Anzahl junger Individuen in der Population
15	SEEDLINGS	Anzahl Sämlinge in der Population
16	DOMINANCE	Dominanz – Schätzung der Deckung/Artmächtigkeit 1 Selten 2 Mittlere Artmächtigkeit 3 Reichlich vorhanden
17	SAMPSTAT	Biologischer Status der Population Kodierter biologischer Status der Population. Es können entweder die Codes für die allgemeineren Angaben (fettgedruckt) oder die spezielleren Angaben geliefert werden (grau sind die Kodierungen gedruckt, die im In-situ-Bereich keine Anwendung finden). 100 = Wildform 110) Natürliche Vegetation 120) Halb-natürlich /wild 130) Halb-natürlich/angepflanzt 200 = Unkraut/Ackerbegleitflora 300 = Traditionelle Sorte / Landsorte 400 = Zucht-/Forschungsmaterial 410 = Zuchtlinie 411 = Synthetische Population 412 = Hybride 413 = Grundstock / Basispopulation 414 = Inzuchtlinie (Elternlinie einer Hybridsorte) 415 = Gespaltene Population 416 = Klonale Selektion 420 = Ausgangsmaterial 421 = Mutante 422 = Ausgangsmaterial mit cytogenetischen Besonderheiten (Additions-/Substitutionslinie, Aneuploide, Amphiploide) 423 = Andere Ausgangspopulationen (z.B. Kartierungspopulationen) 500 = Moderne Sorte (aus konventionellen Züchtungsmethoden) 600 = Gentechnisch verändertes Material 999 = Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)
18	IUCNTHREATCLASS	IUCN Bedrohungsclassifikation Die IUCN Bedrohungsclassifikation ist unter der Adresse http://www.iucnredlist.org/technical-documents/classification-schemes/threats-classification-scheme (Version 2.3; letzter Zugriff: 26.04.2018) verfügbar. Hier sind nur die Hauptkategorien aufgelistet. Es wird empfohlen, zutreffende Klassifikationen aus der Gesamtliste auszuwählen. Mehrfachnennungen sind mit Semikolon (ohne Leerstelle danach!) zu trennen. 1 Wohn- und Handelsentwicklung 2 Landwirtschaft und Aquakultur 3 Energieerzeugung und Bergbauindustrie 4 Verkehr 5 Nutzung biologischer Ressourcen 6 Menschlicher Eingriff & Störung 7 Veränderung natürlicher Systeme 8 Invasive und andere problematische Arten, Gene und Krankheiten 9 Verschmutzung 10 Geologische Ereignisse 11 Klimawandel und extremes Wetter

		99	Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)
Deskriptoren zur Beschreibung des Populationsstandortes			
19	ADM1		Bundesland
20	ADM2		Regierungsbezirk Die genaue Bezeichnung kann unter https://bit.ly/2INRChu gefunden werden, letzter Zugriff: 01.06.2018.
21	ADM3		Kreisebene Die genaue Bezeichnung kann unter https://bit.ly/2INRChuge gefunden werden, letzter Zugriff: 01.06.2018.
22	POPSITE		Angaben zum Populationsstandort Geographische Zusatzangaben unterhalb des Länderlevels, welche den Populationsstandort näher beschreiben, wie z. B. Richtung und Entfernung von einer Stadt / Referenzpunkt. (Entspricht dem MCPD Deskriptor COLLSITE).
23	POPSRC		Status des Populationsstandortes Kodierter Status des Populationsstandortes. Es können entweder die Codes für die allgemeineren Angaben (fettgedruckt) oder die spezielleren Angaben geliefert werden. (Entspricht dem MCPD Deskriptor COLLSRC). 10 – Wildökosystem 11) Wald/Waldgebiet 12) Savanne 13) Graslandschaft 14) Wüste oder Tundra 15) Aquatischer Lebensraum 20 – bewirtschaftetes Ökosystem 21) Feld 22) Garten 23) Hinterhof, Küchen- oder Hausgarten (Städtisch oder ländlich) 24) Brachland 25) Weideland 26) Bauernhof 27) Dreschboden 28) Park 30 – Markt/Laden 40 – Forschungsinstitut / Genbank 50 – Saatguthandel 60 – Ruderal-/Segetalstandorte 61) Straßenrand 62) Feldrand 99 –Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)
24	NATURRAUM		Angabe des Naturraums Die deutschen Naturräume nach Schmidhüsen. Quelle: MEYNEN, E. & J. SCHMITHÜSEN (1953-1962): Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands. – Selbstverlag der Bundesanstalt für Landeskunde, Remagen, 1339 S.
25	LANDUSE		Informationen über die Verwendung des Landes Mehrfachnennungen sind mit Semikolon (ohne Leerstelle danach!) zu trennen (übernommen von FAO 2006). 10 – Erntende Landwirtschaft (Ackerbau) 11) Jährlicher Ackerbau 12) Beständiger Ackerbau 13) Baum und Strauch Ackerbau 20 – Ackerbau und Viehzucht 21) Agroforstwirtschaft 22) Weide- und Ackerbau 30 – Tierzucht 31) Extensive Beweidung 32) Intensive Beweidung

40 – Forstwirtschaft

- 41) Natürliche Forst- und Waldwirtschaft
- 42) Plantagenwirtschaft

50 – Naturschutz

- 51) Natur- und Wilderhaltung (d. h. Reservate, Parks, Wildtier management)
- 52) Abbaukontrolle

60) Siedlung, Industrie

- 61) Wohngebiet
- 62) Industriegebiet
- 63) Transport
- 64) Erholungsgebiet
- 65) Bergbau, Grabungen
- 66) Mülldeponie

70) Ungenutzt

- 99) Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)

26	OWNER	Art des Eigentums 1 Privat 2 Öffentlich 3 Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)
Geographische Koordinaten Breitengrad und Längengrad in Dezimal-Grad-Format mit einer Genauigkeit von vier Dezimalstellen entspricht ca. 10 m am Äquator und beschreibt die Punkt-Radius Darstellung der Lage, zusammen mit geodätischem Datum und Koordinaten Unsicherheit in Metern.		
27	DECLATITUDE	Geographische Breite des Standortes (Dezimal-Grad-Format) Geographische Breite angegeben im Dezimal-Grad-Format. Werte nördlich des Äquators sind als positive Zahlen darzustellen, Werte südlich des Äquators als negative. Beispiel: -44.6975
28	DECLONGITUDE	Geographische Länge des Standortes (Dezimal-Grad-Format) Geographische Länge angegeben im Dezimal-Grad-Format. Werte nördlich des Äquators sind als positive Zahlen darzustellen, Werte südlich des Äquators als negative. Beispiel: +120.9123
29	COORDUNCERT	Koordinaten Messunschärfe [m] Messunsicherheit in Metern bei der Aufnahme der Koordinaten. Feld offen lassen, wenn die Messunsicherheit unbekannt ist.
30	COORDDATUM	Geodätisches Datum Das geodätische Datum oder das räumliche Referenzsystem auf dem die Koordinaten beruhen, angegeben in Dezimallängen und -breiten (z. B. WGS84, ETRS89, NAD83). Bei der Verwendung von GPS ist es WGS84.
31	GEOREFMETH	Methode der Georeferenzierung Genutzte Methode zur Georeferenzierung (GPS, ermittelt mit Karte, mit alphabetischem Ortsverzeichnis, oder mit Software geschätzt). Feld offen lassen, wenn die Methode unbekannt ist.
32	ELEVATION	Höhe des Standortes Höhe des Fundortes über dem Meeresspiegel in Metern, negative Werte sind erlaubt. Beispiel: 743
Deskriptoren zur Lage und Schutzstatus des Genetischen Erhaltungsgebietes		
33	GENERESERVE_ID	Identifikationsnummer des genetischen Erhaltungsgebietes (Pflichtangabe) Die Nummer wird von der Koordinationsstelle Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland vergeben.
34	GENERESERVE_NETWORK	Netzwerkname Wenn zu einem Taxon oder einer Artengruppe mehrere genetische Erhaltungsgebiete etabliert werden, ist hier die Oberbezeichnung des Verbundes anzugeben. Z. B.: Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete für Wildsellerie.
35	GENERESERVE_NAME	Name des genetischen Erhaltungsgebietes Z. B.: Genetisches Erhaltungsgebiet Apium graveolens bei Sülldorf
36	GENERESERVE_STAT	Status des genetischen Erhaltungsgebietes

		1 = In Planung 2 = Etabliert 99 = Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)
37	GENERESERVE_ BOUNDARIES	Gebietsgrenzen des genetischen Erhaltungsgebietes Beschreibung der Gebietsgrenzen des genetischen Erhaltungsgebietes mittels in GIS bearbeitbarer Standards. Dafür sind entweder im Feld DECLATITUDE und DECLONGITUDE die Mittelpunktcoordinate des Gebietes und die Felder COORDUNCERT (fachlich begründbare Messunschärfe) und COORDATUM anzugeben.
38	AREAPROTECTION	Lage in Schutzgebieten Ja – vollständig / ja - teilweise/nein/nicht bekannt Wenn „ja - vollständig“ oder „ja – teilweise“ zutreffend ist, dann ist der Name des Schutzgebietes in das entsprechende Feld einzutragen. Wenn es sich um ein geschütztes Gebiet handelt, für dessen Schutzkategorie kein eigenes Feld vorgesehen ist, ist das Feld REMARKS zu verwenden.
39	WDPA	WDPA Nummer des Schutzgebietes ID-Nummer für das Schutzgebiet in der „World Database of Protected Area“ (WDPA). Die WDPA Datenbank ist verfügbar unter https://protectedplanet.net/ . Mehrfachnennungen sind mit Semikolon (ohne Leerstelle danach!) zu trennen.
40	NATIONALPARK	Name des Nationalparks Siehe dazu http://www.nationale-naturlandschaften.de/
41	MAB	Name des Biosphärenreservates Siehe dazu http://www.nationale-naturlandschaften.de/
42	NATURPARK	Name des Naturparks Siehe dazu http://www.nationale-naturlandschaften.de/
43	NATURA2000	Name des FFH- bzw. des Vogelschutzgebietes Das kohärente Netz Natura 2000 umfasst die im Rahmen der FFH – und Vogelschutzrichtlinie gemeldeten Gebiete. Diese können sich räumlich überlagern. Siehe dazu http://www.bfn.de/0316_steckbriefe.html#c33722
44	LSG	Name des Landschaftsschutzgebietes Siehe dazu https://www.bfn.de/themen/gebietsschutz-grossschutzgebiete/landschaftsschutzgebiete.html
45	NSG	Name des Naturschutzgebietes Siehe dazu https://www.bfn.de/themen/gebietsschutz-grossschutzgebiete/naturschutzgebiete.html
Sammlungsspezifische Deskriptoren		
Hinweis: Geographische Koordinaten, Angaben zum Sammelort (COLLSITE) und Status des Sammelortes (COLLSRC) entsprechen den Koordinaten, POPSITE und POPSRC, und sind deshalb hier nicht wiederholt.		
46	COLLDATE	Datum der Sammlung Datum, an welchem Pflanzenmaterial gesammelt wurde im Format JJJMMTT; fehlende Angaben für Monat und Tag sind mit Bindestrichen aufzufüllen, führende Nullen sind anzugeben. Beispiel: 19950531 oder 1995---- Das Feld MONITORDATE ist dennoch auszufüllen.
47	COLLMISSID	Kennung der Sammelreise Kennung der Sammelreise, die von der sammelnden Einrichtung verwendet wurde. Beispiel: CIATFOR-052;CN426
48	COLLCODE	Codenummer für die sammelnde Einrichtung International vergebene Codenummer für das Institut, welches die Sammelreise durchgeführt hat.
49	COLLNUMB	Sammelnummer Eindeutige Nummer, die vom Sammler des Musters vergeben wurde, normalerweise bestehend aus einem Akronym für den Sammler und einer fortlaufenden Nummer. Beispiel: FA90-110
Deskriptoren zu Monitoring und Maßnahmen am Ort		
50	MONITORDATE	Beobachtungsdatum (Pflichtangabe) Beobachtungsdatum im Format JJJMMTT; fehlende Angaben für Monat und Tag sind mit Bindestrichen aufzufüllen, führende Nullen sind anzugeben. Beispiel:

		19950531 oder 1995----
51	MONITORINSTCODE	Codenummer des Monitoringinstitutes International vergebene Codenummer für das Institut, welches ein Monitoring durchführt. Wenn das Monitoringinstitut Material gesammelt hat, sollen der Code für das Sammelinstitut (COLLCODE) und der Code des Monitoringinstitutes übereinstimmen.
52	MONITORMISSID	Nummer der Beobachtung Eindeutige Nummer der Beobachtung, vergeben vom Monitoringinstitut.
53	MEASURESCCLASS	Typ der Erhaltungsaktivität in Bezug auf die Population Das IUCN-Klassifikationssystem für Erhaltungsaktivitäten ist zu verwenden (Version 2.0; verfügbar unter http://www.iucnredlist.org/technical-documents/classification-schemes/conservation-actions-classification-scheme-ver2 ; letzter Zugriff: 26.04.2018). Details können im Bemerkungsfeld REMARKS ergänzt werden. Mehrere Angaben sind erlaubt und sind mit Semikolon ohne Leerzeichen zu trennen. 0 Es finden keine Erhaltungsaktivitäten statt 1 Land-/Wasserschutz 2 Land-/Wassermanagement 3 Artenmanagement 4 Bildung und Öffentlichkeitsarbeit 5 Gesetzgebung 6 Wirtschaftliche und andere Anreize 99 Andere (im Bemerkungsfeld REMARKS auszuführen)
54	MEASURESDATE	Zeitraum der Maßnahmen Zeitraum der Maßnahmen im Format JJJMM-JJJMM. Bei mehreren Einträgen sind sie auf die oben genannten IUCN-Klassen zu beziehen. Beispiel: 2:201203-201403;3:201201-201201
Sonstige Deskriptoren		
55	REMARKS	Bemerkungen Dient der Aufnahme von Bemerkungen und zusätzlicher anderer Informationen aus den kodierten Feldern. Bemerkungen zu bestehenden Feldern sind wie folgt zu formatieren: „FELDNAME:Bemerkungstext“. Mehrere Bemerkungen sind durch Semikolon ohne Zwischenraum zu trennen. Beispiel: POPSRC:Waldrand;LANDUSE:Stadtpark
56	URL	Link zu weiterführenden Informationen Dient der Aufnahme von Links zu weiterführenden Informationen, z. B. über das genetische Erhaltungsgebiet, die koordinierende Fachstelle, etc.